

**HUMBOLDT-UNIVERSITÄT ZU BERLIN**

**UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN SIMON, COCHABAMBA**

**Schätzung von Kreuzungsparametern unter  
besonderer Berücksichtigung von  
epistatischen Effekten und einer  
Optimierung des Kreuzungszuchtverfahrens  
beim Meerschweinchen in Bolivien**

Birgit Zumbach



**Schätzung von Kreuzungsparametern unter besonderer  
Berücksichtigung von epistatischen Effekten und einer Optimierung  
des Kreuzungszuchtverfahrens beim Meerschweinchen in Bolivien**

**DISSERTATION**

zur Erlangung des akademischen Grades  
doctor rerum agriculturalium  
(Dr. rer. agr.)

**eingereicht an der  
Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät  
der Humboldt-Universität zu Berlin**

von

Dipl.-Ing. agr. Birgit Zumbach

geboren am 17.09.1960 in Oberöwisheim, jetzt Kraichtal

Präsident

der Humboldt-Universität zu Berlin:

Prof. Dr. Dr. h.c. H. Meyer

Dekan der

Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät:

Prof. Dr. Dr. h.c. E. Lindemann

Gutachterin/Gutachter

1. Prof. Dr. P. Horst

2. Prof. Dr. G. Seeland

3. Prof. Dr. A. Valle Zarate

Tag der mündlichen Prüfung: 13.07.1998

**HUMBOLDT-UNIVERSITÄT ZU BERLIN  
UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN SIMON, COCHABAMBA**

PDF-Konvertierung:

Dipl-Psych. Jörg Zumbach – Psychologisches Institut der Universität Heidelberg –

URL: <http://paeps.psi.uni-heidelberg.de/zumbach>

## Abstrakt

Schätzung von Kreuzungsparametern unter besonderer Berücksichtigung von epistatischen Effekten und Optimierung des Kreuzungszuchtverfahren beim Meerschweinchen in Bolivien

Die vorliegende Arbeit befasst sich mit dem Meerschweinchen als einheimischem Fleischlieferant in den Andenstaaten Lateinamerikas, das im Rahmen der ländlichen Entwicklung durch Züchtung und entsprechende Haltung zu einer besseren Fleischversorgung und evt. zu einer Einkommensquelle insbesondere für Kleinbauern beitragen soll. Ziel der Arbeit ist es, die Kreuzungsparameter, insbesondere epistatische Effekte, zwischen einer synthetischen kleinrahmigen nativen Linie, bestehend aus 29 Herkünften Boliviens, und einer importierten großrahmigen Linie aus Peru unter semi-intensiven/semi-extensiven „modernen“ Haltungsbedingungen zu schätzen und daraus Schlussfolgerungen für die Optimierung von Zuchtssystemen zu ziehen.

In der Einleitung werden zunächst die biologische Besonderheiten des Meerschweinchens sowie die kulturelle und gesellschaftliche Bedeutung des Meerschweinchens und Haltungssysteme kurz beschrieben. Der Literaturteil befasst sich mit den Genwirkungen bei Kreuzungen, insbesondere den nicht-additiven Geneffekten und der Planung und Optimierung von Kreuzungssystemen. Außerdem wird die Reproduktions- und Produktionsleistung beim Meerschweinchen in Rein- und Kreuzungszucht dargestellt.

Der eigenen Untersuchung liegen die Daten von 2857 ersten und zweiten Würfen bzw. von 7745 lebend geborenen Jungtieren vor, die aus der Verpaarung von ca. 391 Böcken mit 1688 Weibchen hervorgingen. Es handelt sich um die am Zuchtprojekt „Mejocuy“ der Universidad Mayor de San Simón in Cochabamba, Bolivien, entwickelten nativen synthetischen bolivianischen und der importierten peruianischen Linie sowie 12 daraus abgeleiteten Kreuzungsgruppen verschiedener Generationen (reziproke F1s, reziproke Rückkreuzungen, F2, Vorstufen einer Wechselkreuzung sowie eine synthetische Linie mit je 50% Genanteil der beiden Ausgangspopulationen).

Der Schätzung der Kreuzungsparameter liegen das Jakubec-Modell mit drei verschiedenen epistatischen Effekten (Additiv x Additiv-Interaktionen, Additiv x Dominanz-Interaktionen, Dominanz x Dominanz-Interaktionen) sowie das Dickerson-Modell mit dem Rekombinationsverlust als epistatischem Effekt auf individueller (Nachkommen-), maternaler (individueller), paternaler (Paarungspartner-) und großmütterlicher (maternaler) Ebene zu Grunde.

Auf Grund der Interkorrelation von Parametern (Multikollinearität) sowie für eine gezielte Herausstellung von Parametern für praktische Züchtungsmethoden und -strategien wurde die Anzahl der Parameter je genetisches Modell auf fünf mit jeweils einem epistatischen Effekt pro Modell beschränkt: Dickerson-Modell:  $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m$  bzw.  $g_{nk}, h_{nk}, r_{nk}, g_i, h_i$ ; Jakubec-Modell aa:  $g_i, d_i, aa_i, g_m, d_m$  bzw.  $g_{nk}, d_{nk}, aa_{nk}, g_i, d_i$ ; Jakubec-Modell dd:  $g_i, d_i, dd_i, g_m, d_m$  bzw.  $g_{nk}, d_{nk}, dd_{nk}, g_i, d_i$ . Die synthetische bolivianische Linie stellt die Bezugsbasis dar.

GLS- bzw. LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Kreuzungsparameter wurden für Merkmale der Gewichts- und Wachstumsleistung, der Schlachtleistung, der Reproduktionsleistung sowie für Kriterien der Gesamtproduktivität geschätzt. Die vorherrschenden Kreuzungseffekte sind Linienunterschiede, die bei den Produktionsmerkmalen positiv gerichtet sind, bei der Anzahl Nachkommen pro Muttertier bzw. pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr negativ.

Die genetischen Modelle sowie die Ergebnisse sind im Gesamtzusammenhang diskutiert, und es werden Empfehlungen für Zuchtssysteme mit den untersuchten Linien für die am Untersuchungsstandort spezifischen saisonalen und wirtschaftlichen Verhältnisse sowie für die Selektion gegeben.

**Schlagwörter:** Meerschweinchen; Kreuzungsparameter; Zuchtssystemoptimierung; Fleischproduktion

## Abstract

### Estimation of Crossbreeding Parameters with Special Consideration of Epistatic Effects and Optimisation of Crossbreeding Procedures For Guinea Pigs in Bolivia

The present study investigates the guinea pig as a native animal for meat production in the Andean countries of Latin America. In the framework of rural development the guinea pig can contribute to a better meat supply and a source of income especially for small holders by improving breeding and management. The objective of this study is to estimate crossbreeding parameters, focusing on epistatic effects, from crossings between a small framed synthetic native line consisting of 29 Bolivian strains and an imported line from Peru selected for body weight, kept under semi-intensive/semi-extensive „modern“ management conditions. Conclusions for the optimisation of breeding systems should also be derived..

In the introduction first the special biological characteristics as well as the cultural and symbolic meaning of the guinea pig, and management systems, are briefly described. The literature part treats gene effects in crossbreeding, especially non-additive gene effects, as well as the planning and optimization of crossbreeding systems. Also a literature review of the guinea pig reproduction and production performance in pure- and crossbreeding is presented.

In the present study, data from 2857 first and second litters and 7745 progenies, stemming from the matings of 391 bucks with 1688 dams were analysed. The animals belong to a native synthetic Bolivian line, developed at the Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivia, and an imported Peruvian line as well as to 12 crossbreeding groups derived from these stocks: reciprocal F1s, reciprocal backcrosses, F2, pre-rotational groups and a synthetic line with 50% gene proportion of each purebred line.

The basic model for the estimation of crossbreeding parameters is the Jakubec model with three different kinds of epistatic effects (additive x additive interactions, additive x dominance interactions, dominance x dominance interactions) and the Dickerson model with the recombination loss as epistatic effect on the individual (progeny), maternal (individual), paternal (male mating partner) and grandmaternal (maternal) level.

Because of the intercorrelation of parameters (multicollinearity) and with the objective to estimate the most relevant parameters for practical breeding methods and strategies the number of parameters per genetic model was restricted to five with one epistatic effect, respectively: Dickerson-Modell:  $g, h_i, r_i, g_m, h_m$  and  $g_{pr}, h_{pr}, r_{pr}, g_i, h_i$ ; Jakubec-Modell aa:  $g, d_i, aa_i, g_m, d_m$  and  $g_{pr}, d_{pr}, aa_{pr}, g, d_i$ ; Jakubec-Modell dd:  $g_i, d_i, dd_i, g_m, d_m$  and  $g_{pr}, d_{pr}, dd_{pr}, g, d_i$  (i: individual, m: maternal, pr: progeny). The synthetic native Bolivian line was considered as reference.

GLS- and LS-breeding group means and crossbreeding parameters were estimated for body weight and growth traits, reproduction traits and productivity traits. The prevailing crossbreeding effects are line differences with positive signs for production traits and with negative signs for the number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production.

The genetic models and the results are discussed in a global context and recommendations are derived for breeding systems and selection for the investigated lines under the specific seasonal and economical conditions prevailing at Cochabamba, Bolivia.

**Keywords:** guinea pig; crossbreeding parameters; optimization of breeding systems; meat production

## Danksagung

Mein allerherzlichster Dank gilt Herrn Prof. Dr. P. Horst für die Überlassung des Themas sowie seine stets großzügige Unterstützung und wertvolle Betreuung.

Frau Prof. Dr. A. Valle Zárate danke ich ganz besonders für ihre weitreichende Unterstützung insbesondere während des Feldaufenthaltes in Bolivien.

In gleicher Weise möchte ich mich sehr herzlich bei den Autoritäten der bolivianischen Partneruniversität an der Facultad de Ciencias Agrícolas y Pecuarias der Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Herrn Ing. Julio Villaroel, Herrn Ing. Jaime de la Torre und Herrn Ing. Jorge San Román für ihre besonders wertvolle Unterstützung und Hilfe danken.

Meinen besonderen Dank möchte ich Herrn Prof. Dr. J. Spilke für seine stets hilfsbereite Unterstützung und statistische Beratung vor allem bei der Anwendung der Tiermodell-Programme aussprechen. Ebenso danke ich Herrn Dr. J. Sölkner für die unverzügliche Durchführung der Berechnungen für die Optimierung des Paarungsplans, die gerade zum richtigen Zeitpunkt eintrafen.

Sehr dankbar für ihre Unterstützung, fachliche Anregungen und Diskussionen bin ich Frau Dr. L. Chauca, Herrn U. Peter, Herrn Dr. P.K. Mathur, Herrn Dr. A. Scholz, Herrn Dr. J. Wolf, Herrn Prof. Dr. V. Jakubec, Herrn Dr. D. Trenkler, Herrn Prof. Dr. B. Kinghorn, Herrn Prof. Dr. W. Schlote und Herrn Prof. Dr. G. Seeland.

Meinen lieben Freunden in Bolivien, Carlos Alvarez, Franz Roberto Birrueta, Juan José García, Sandro Picolominy, Germán Mollo, Jorge Saba, Marcelo Azuga, Ariel Montaña, Guy Galindo, Thayra Arévalo, Rosario Fernández, Gabi Mercado, Columba López und insbesondere der Familie V. Flores und der Familie L. Alvarez sowie all den anderen nicht namentlich genannten danke ich ganz herzlich für ihre wundervolle Freundschaft und Solidarität, ohne die die Arbeit nicht hätte durchgeführt werden können.

In gleicher Weise danke ich allen Freunden und Kollegen hier in Deutschland für ihre technische und moralische Unterstützung.

Mein grenzenloser Dank gilt Wiley, meinen Eltern und meinen Geschwistern Jörg und Sigrid.

An dieser Stelle möchte ich besonders dem *Deutschen Akademischen Austauschdienst* und der *Heinrich-Böll-Stiftung* danken, die das Zustandekommen dieser Arbeit durch ihre materielle und ideelle Förderung ermöglicht haben.

---

Das Projekt „Mejocuy“ wurde im Rahmen der DFG/BMZ-Forschungskooperation mit wissenschaftlichen Institutionen in Entwicklungsländern durch die *Deutsche Forschungsgesellschaft* und die *Universidad Mayor de San Simón*, Cochabamba, Bolivien, gefördert.





## Agradecimientos

Mi gratitud más cordial es para el Prof. Dr. P. Horst para la provisión del tema y su siempre generoso apoyo y asesoramiento valoroso.

A la Prof. Dra A. Valle Zárate le agradezco muy en especial para su extenso apoyo, sobre todo durante la estadía del trabajo de campo en Bolivia.

De misma manera quisiera agradecer muy cordialmente a las autoridades de la universidad pareja boliviana en la Facultad de Ciencias Agrícolas y Pecuarias de la Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, al Ing. Julio Villaroel, al Ing. Jaime de la Torre y al Ing. Jorge San Román por su particularmente valoroso apoyo y ayuda.

Quisiera expresar mi gratitud particular al Prof. Dr. J. Spilke por su siempre complaciente apoyo y asesoramiento estadístico especialmente en la aplicación de los programas de modelo animal. Asimismo agradezco al Dr. J. Sölkner por su inmediata ejecución de cálculos para la optimización del plan de empadre los cuales llegaron al momento justo.

Estoy muy agradecida por el apoyo, estímulos y charlas al nivel técnico a la Dra L. Chauca y a los señores U. Peter, Dr. P.K. Mathur, Dr. A. Scholz, Dr. J. Wolf, Prof. Dr. V. Jakubec, Dr. D. Trenkler, Prof. Dr. B. Kinghorn, Prof Dr. W. Schlote y Prof. Dr. G. Seeland.

A mis queridos amigos en Bolivia, Carlos Alvarez, Franz Roberto Birrueta, Juan José García, Sandro Picolominy, Germán Mollo, Jorge Saba, Marcelo Azuga, Ariel Montaña, Guy Galindo, Thayra Arévalo, Rosario Fernández, Gabi Mercado, Columba López y especialmente a la familia V. Flores y a la familia L. Alvarez, así como a todos los otros no nombrados en este lugar, les agradezco muy en especial por su amistad maravillosa, su solidaridad y apoyo, sin lo cual el trabajo no hubiera podido ejecutarse.

Del mismo modo agradezco a todos los amigos y colegas aquí en Alemania por su apoyo técnico y moral.

Mis agradecimientos sin límites son para Wiley, mis padres y mi hermanos Jörg y Sigrid.

En este lugar quisiera agradecer en especial al *Deutschen Akademischen Austauschdienst* y a la *fundación Heinrich Böll* que posibilitaron este trabajo por su fomento material e ideal.

---

El Proyecto „Mejocuy“ fue promovido en el marco de la cooperación de investigación entre la DFG y el BMZ con instituciones científicas en países en vía de desarrollo por la *Deutsche Forschungsgesellschaft* y la *Universidad Mayor de San Simón*, Cochabamba, Bolivia.



# INHALTSVERZEICHNIS

1 EINLEITUNG	1
2 LITERATUR	5
2.1 <i>Genwirkungen bei Kreuzungen</i>	5
2.1.1 Berücksichtigung von epistatischen Effekte in Kreuzungsmodellen	6
2.1.2 Heterosis	9
2.1.2.1 Entwicklung des Heterosis-Konzeptes	10
2.1.2.2 Heterosis x Umwelt-Interaktionen	11
2.1.2.3 Heterosis in genetischen Modellen	12
2.1.3 Komplementarität	12
2.1.4 Zusammenwirken der Geneffekte verschiedener Generationsebenen	14
2.1.4.1 Großmütterliche Effekte	15
2.1.4.2 Paternale Effekte	15
2.1.4.3 Maternale Effekte	15
2.2 <i>Kreuzungszuchtssysteme</i>	17
2.2.1 Planung von Kreuzungsversuchen	17
2.2.1.1 Optimierung des Versuchsdesigns	18
2.2.1.2 Weitere Planungskriterien	21
2.2.2 Charakteristika verschiedener Kreuzungssysteme	21
2.2.2.1 Diskontinuierliche Kreuzungssysteme	22
2.2.2.2 Rotationskreuzungen	23
2.2.2.3 Bildung neuer "synthetischer" Rassen	25
2.2.2.4 Nutzung von Majorgenen	33
2.2.3 Optimierung von Kreuzungssystemen	33
2.2.3.1 Effizienzvergleich von Zuchtssystemen	35
2.2.3.2 Züchterische Stratifikation	38
2.2.3.3 Selektion	38
2.3 <i>Übersicht über die Leistungsdaten und genetischen Parameter in Rein- und Kreuzungszucht beim Meerschweinchen</i>	45
2.3.1 Reproduktionsleistung	45
2.3.1.1 Frühreife	46
2.3.1.2 Ovulationsrate und embryonale Entwicklung	48
2.3.1.3 Muttergewicht	50
2.3.1.4 Wurfrate	51
2.3.1.5 Wurfgröße	51
2.3.1.6 Anteil / Anzahl lebend geborener Jungtiere Wurfgewicht bei der Geburt	52
2.3.1.7 Anteil / Anzahl abgesetzter Jungtiere - Wurfgewicht beim Absetzen	53
2.3.1.8 Wurfrequenz	54
2.3.1.9 Anzahl / Gewicht geborener und abgesetzter Nachkommen pro Zeiteinheit	56
2.3.2 Gewichts- und Wachstumsleistung	71
2.3.2.1 Geburtsgewicht	71
2.3.2.2 Absetzgewicht / Zunahme von der Geburt bis zum Absetzen	72
2.3.2.3 Gewicht und Zunahmen bis zur Mastmitte und dem Mastende	73

2.3.2.4 Futtermittelverwertung	75
2.3.3 Schlachtleistung	89
3 TIERE UND METHODE	91
3.1 Geographische Lage und Klima am Standort des Zuchtprojektes	91
3.2 Meerschweinchenzuchtprojekt "Mejocuy"	92
3.2.1 Zuchtprogramm	92
3.2.2 Kreuzungsprogramm	93
3.2.3 Zuchtgruppen	95
3.2.4 Inzuchtrate	97
3.2.5 Betriebsmanagement	98
3.2.5.1 Stallungen	98
3.2.5.2 Hygienemaßnahmen	99
3.2.5.3 Fütterung	100
3.2.5.4 Zucht-Management	100
3.3 Optimierung des Paarungsdesigns	101
3.4 Untersuchte Merkmale	104
3.4.1 Einzelmerkmale	104
3.4.2 Gesamtproduktivitätsmerkmale	105
3.5 Genetische Modelle	107
3.5.1 Kreuzungseffekte nach dem Jakubec-Modell	111
3.5.1.1 Theoretische Schätzbarkeit der Kreuzungsparameter mit den verfügbaren Zuchtgruppen	113
3.5.2 Kreuzungseffekte nach dem Dickerson-Modell	115
3.5.2.1 Theoretische Schätzbarkeit der Kreuzungsparameter mit den verfügbaren Zuchtgruppen	117
3.5.3 Multikollinearität	118
3.5.3.1 Multikollinearitätsdiagnostik	119
3.5.3.2 Maßnahmen beim Vorliegen von Multikollinearität	124
3.6 Statistische Analyse	129
3.6.1 Datenmaterial	129
3.6.2 Jahreszeitliche Einflüsse und Datenstruktur	135
3.6.3 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern	136
3.6.3.1 Schätzung von Varianzkomponenten	136
3.6.3.2 Schätzung fixer Effekte und Teststatistik	138
4 ERGEBNISSE	142
4.1 Gewichts- und Wachstumsleistung	142
4.1.1 Verteilungsprofile	142
4.1.2 Varianzkomponenten und Heritabilitätsschätzungen	146
4.1.3 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung bis zum Ende der Aufzucht	147
4.1.3.1 GLS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	147
4.1.3.2 GLS-Kreuzungsparameterschätzung für die Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	151
4.1.3.3 Überlebensrate während der Aufzucht	155
4.1.4 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt	156

4.1.4.1 GLS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt	157
4.1.4.2 GLS-Kreuzungsparameterschätzung für die Gewichtsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt	162
4.1.4.3 Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende	168
4.1.4.4 Östrusexpression weiblicher Tiere bis zum Alter von 84 Tagen	170
<b>4.2 Schlachtleistung</b>	<b>172</b>
4.2.1 Verteilungsprofile	172
4.2.2 LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für Schlachtleistungsmerkmale	173
4.2.3 LS-Kreuzungsparameterschätzung für Schlachtleistungsmerkmale	176
<b>4.3 Reproduktionsleistung</b>	<b>178</b>
4.3.1 Verteilungsprofile	178
4.3.2 Kriterien der Reproduktionsfrequenz	183
4.3.2.1 LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für das Erstlingswurfintervall, die Zwischenwurfzeit und die Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr	183
4.3.2.2 LS-Kreuzungsparameterschätzung für das Erstlingswurfintervall, die Zwischenwurfzeit und die Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr	186
4.3.3 Wurfrate	188
4.3.4 Überlebensrate der Zuchttiere	190
4.3.5 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für die Wurfgrößen- und Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	192
4.3.5.1 LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Wurfgrößenentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	192
4.3.5.2 LS-Kreuzungsparameterschätzung für die Wurfgrößenentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	197
4.3.5.3 LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	200
4.3.5.4 LS-Kreuzungsparameterschätzung für die Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	203
<b>4.4 Kriterien der Gesamtproduktivität</b>	<b>206</b>
4.4.1 Verteilungsprofile	206
4.4.2 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für Hilfskriterien der Gesamtproduktivität: Muttergewicht	210
4.4.2.1 LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleich und Kreuzungsparameterschätzung für das Muttergewicht und das metabolische Muttergewicht	210
4.4.3 Schätzung von LS-Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für Kriterien der Gesamtproduktivität: Anzahl und Gesamtgewicht der Nachkommen	213
4.4.3.1 LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleiche für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr	213
4.4.3.2 LS-Kreuzungsparameter für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr	218
4.4.3.3 LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleiche für das Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht -	

im ersten Produktionshalbjahr	221
4.4.3.4 LS-Kreuzungsparameter für das Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr	225
5 DISKUSSION	228
5.1 <i>Genetische Modelle und Parameterauswahl</i>	228
5.2 <i>Evaluierung der verschiedenen Zuchtgruppen und Kreuzungsparameter</i>	229
5.2.1 Anpaarung bis zur Geburt des Wurfes	230
5.2.2 Aufzuchtphase	236
5.2.3 Mastphase	239
5.2.3.1 Vormastphase	240
5.2.3.2 Endmastphase	241
5.2.3.3 Mastendgewicht	242
5.2.2.4 Schlachtleistung	243
5.2.2.5 Überlebensrate und Östrusexpression	243
5.2.2.6 Anzahl und Gewicht ausgemästeter Nachkommen pro Muttertier und metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr	244
5.3 <i>Zuchtsystemoptimierung</i>	245
6 ZUSAMMENFASSUNG	250
RESUMEN	254
SUMMARY	228
7 LITERATURVERZEICHNIS	262
ANHANG	

## TABELLENVERZEICHNIS

### LIST OF TABLES

Tabelle 2.1:	Komponenten der Heterosis nach verschiedenen genetischen Modellen	
<i>Table 2.1:</i>	<i>Components of heterosis by different genetic models</i>	
Tabelle 2.2:	Gliederung der Zuchtmethoden mit mehreren Populationen	22
<i>Table 2.2:</i>	<i>Classification of breeding methods with several populations</i>	
Tabelle 2.3:	Koeffizienten additiver und nicht-additiver Effekte einer Wechselkreuzung sowie einer synthetischen Linie aus 2 Rassen mit je 50% Genanteil nach dem Dickerson- und dem Jakubec-Modell	
<i>Table 2.3:</i>	<i>Coefficients of additive and non-additive effects in the Dickerson and Jakubec model for a two-breed rotational system and a synthetic line stemming from 2 breeds with a gene proportion of 50%, respectively</i>	23
Tabelle 2.4:	Klassifizierung kommerzieller Kreuzungssysteme basierend auf dem Zukauf von Zuchttieren	
<i>Table 2.4:</i>	<i>Classification of commercial crossbreeding systems by the importation of breeding animals</i>	34
Tabelle 2.5:	Literaturangaben zum Alter von Meerschweinchen beim Einsetzen des 1. Oestrus	
<i>Table 2.5:</i>	<i>Literature review: Age at first oestrus in guinea pigs</i>	45
Tabelle 2.6:	Literaturangaben zum Alter von Meerschweinchen bei der Regularisierung des Brunstzyklus	
<i>Table 2.6:</i>	<i>Literature review: Age at regularization of the oestrus cycle in guinea pigs</i>	46
Tabelle 2.7:	Literaturangaben zur Ovulationsrate von Meerschweinchen	
<i>Table 2.7:</i>	<i>Literature review: Ovulation rate in guinea pigs</i>	47
Tabelle 2.8:	Trächtigkeitsdauer zweier Meerschweinchenlinien in Abhängigkeit von der Wurfgröße	
<i>Table 2.8:</i>	<i>Gestation length of two guinea lines by litter size</i>	48
Tabelle 2.9:	Literaturangaben zur Reproduktionsleistung: Einzelmerkmale	
<i>Table 2.9:</i>	<i>Reproduction traits in guinea pigs: Single traits</i>	56
Tabelle 2.10:	Literaturangaben zur Reproduktionsleistung: Produktivitätsmerkmale	
<i>Table 2.10:</i>	<i>Reproduction traits in guinea pigs: Productivity traits</i>	61
Tabelle 2.11:	Kreuzungsparameterschätzung nach dem Dickerson-Modell für Reproduktionsmerkmale bei nativen (bolivianischen) und peruanischen Meerschweinchen mit unterschiedlicher Parameterauswahl in zwei Kreuzungsphasen und in der Wurffolge	
<i>Table 2.11:</i>	<i>Crossbreeding parameter estimates for reproduction traits in native (Bolivian) and Peruvian guinea pigs by the Dickerson model</i>	63

Tabelle 2.12:	Schätzung von Dominanzeffekten und Additiv x Additiv-Interaktionen in % nach dem Kinghorn-Modell, Hypothese X, für Reproduktionsmerkmale an den Kreuzungen zwischen Inzuchtlinien von S. Wright	
<i>Table 2.12:</i>	<i>Dominance effects and additive x additive interactions for reproduction traits in S. Wright's guinea pigs in % by the Kinghorn model, Hypothesis X</i>	67
Tabelle 2.13:	Literaturübersicht über Heritabilitätsschätzwerte in Wurfgrößen- und Wurfgewichtsmerkmalen beim Meerschweinchen	
<i>Table 2.13:</i>	<i>Literature review: Heritability estimates for litter size and litter weight traits in guinea pigs</i>	68
Tabelle 2.14:	Literaturangaben zur Gewichts- und Wachstumsleistung bei Meerschweinchen	
<i>Table 2.14:</i>	<i>Literature review: Weight and growth performance in guinea pigs</i>	74
Tabelle2.15:	Literaturübersicht über die Futtermittelverwertung verschiedener Meerschweinchenherkünfte in verschiedenen Altersabschnitten	
<i>Table 2.15:</i>	<i>Food conversion of guinea pig strains in different age classes</i>	80
Tabelle 2.16:	Kreuzungsparameterschätzung nach dem Dickerson-Modell für Gewichts- und Wachstumsmerkmale bei nativen (bolivianischen) und peruanischen Meerschweinchen mit unterschiedlicher Parameterauswahl in zwei Kreuzungsphasen und in der Wurffolge	
<i>Table 2.16:</i>	<i>Crossbreeding parameter estimates for body weight and growth traits in native (Bolivian) and Peruvian guinea pigs by the Dickerson model</i>	82
Tabelle2.17:	Schätzung von Dominanzeffekten und Additiv x Additiv Interaktionen in % nach dem Kinghorn-Modell, Hypothese X, für Gewichts- und Wachstumsmerkmale an den Kreuzungen zwischen Inzuchtlinien von S. Wright	
<i>Table 2.17:</i>	<i>Dominance effects and additive x additive interactions for weight and growth traits in S. Wright's guinea pigs in % by the Kinghorn model, Hypothesis X</i>	85
Tabelle2.18:	Literaturübersicht über Heritabilitätsschätzwerte für Gewichts- und Wachstumsmerkmale beim Meerschweinchen	
<i>Table 2.18</i>	<i>Literature review: Heritability estimates for weight and growth traits in guinea pigs</i>	86
Tabelle 2.19:	Literaturübersicht über die Schlachtleistung beim Meerschweinchen	
<i>Table 2.19</i>	<i>Literature review: Slaughter performance in guinea pigs</i>	88
Tabelle 3.1:	Klimatische Formel, Jahresniederschlagsmenge und monatliches Klima in Cochabamba	
<i>Table 3.1:</i>	<i>Climatic Formula, rain fall quantitiy and monthly climate in Cochabamba</i>	92



Tabelle 3.2:	Übersicht über die Selektionsintensität männlicher Zuchttiere bei der Peruanischen Reinzuchtlinie	
<i>Table 3.2:</i>	<i>Selection intensity of sires in the Peruvian line</i>	95
Tabelle 3.3:	Kennzeichnung ausgewählter Zuchtgruppen des Mejocuy-Zuchtprogramms.	
<i>Table 3.3:</i>	<i>Breeding group characterization of the Mejocuy breeding programme</i>	96
Tabelle 3.4:	Erwartetes durchschnittliches genetisches Niveau der verschiedenen Zuchtgruppen	
<i>Table 3.4:</i>	<i>Expected mean genetic level of the different breeding groups</i>	96
Tabelle 3.5:	Variation der Familiengröße und geschätzte Inzuchtrate der beiden Reinzuchtlinien und der Synthetischen Linie in den Generationen 4 und 5	
<i>Table 3.5:</i>	<i>Variation of family size and estimated inbreeding rate in the two purebred and in the synthetic lines</i>	98
Tabelle 3.6:	Buchtengröße und Fläche pro Zuchttier im Reproduktionsstadium	
<i>Table 3.6:</i>	<i>Box sizes and area per breeding animal in reproduction</i>	99
Tabelle 3.7:	Buchtengröße und Besatzdichte während der Mastphase	
<i>Table 3.7:</i>	<i>Box sizes and area per animal while fattening</i>	99
Tabelle 3.8:	Realisierter Paarungsplan für die Generationen 4 und 5	
<i>Table 3.8:</i>	<i>Realised mating plan for the generations 4 and 5</i>	103
Tabelle 3.9:	Den Nachkommen zugeordnete Einzelmerkmale	
<i>Table 3.9:</i>	<i>Single traits with reference to the progenies</i>	104
Tabelle 3.10:	Den weiblichen Zuchttieren zugeordnete Einzelmerkmale	
<i>Table 3.10:</i>	<i>Single traits with reference to the dams</i>	105
Tabelle 3.11:	Gesamtproduktivitätsmerkmale	
<i>Table 3.11:</i>	<i>Productivity traits</i>	106
Tabelle 3.12:	Genetische Effekte in den untersuchten Zuchtgruppen	
<i>Table 3.12:</i>	<i>Genetic effects in the present breeding groups</i>	107
Tabelle 3.13:	Kreuzungseffekte im Jakubec-Modell	
<i>Table 3.13:</i>	<i>Crossbreeding effects in the Jakubec model</i>	107
Tabelle 3.14:	Kreuzungseffekte im Dickerson-Modell	
<i>Table 3.14:</i>	<i>Crossbreeding effects in the Dickerson model</i>	107
Tabelle 3.15:	Korrelationen zwischen den schätzbaren Kreuzungsparametern im Jakubec-Modell	
<i>Table 3.15:</i>	<i>Correlations between estimable crossbreeding parameters in the Jakubec Model</i>	110

Tabelle 3.16:	Korrelationen zwischen den schätzbaren Kreuzungsparametern im Dickerson-Modell	
<i>Table 3.16:</i>	<i>Correlations between estimable crossbreeding parameters in the Dickerson Model</i>	111
Tabelle 3.17a:	Konditionszahl $K^\#$ und maximale Varianz-Inflations-Faktoren ( $VIF_{\max}$ ) bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Jakubec-Modell.	
<i>Table 3.17a:</i>	<i>Condition number <math>K^\#</math> and maximum variance inflation factors (<math>VIF_{\max}</math>) under different parameter sets in the Jakubec model</i>	111
Tabelle 3.17b:	GLS-Parameterschätzwerte mit Standardfehler bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Jakubec-Modell am Beispiel des 14-Tage-Gewichtes	
<i>Table 3.17b:</i>	<i>GLS parameter estimates with standard errors for different parameter sets in the Jakubec model for body weight at weaning</i>	112
Tabelle 3.18a:	Konditionszahl $K^\#$ und maximale Varianz-Inflations-Faktoren ( $VIF_{\max}$ ) bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Dickerson-Modell	
<i>Table 3.18a:</i>	<i>Condition number <math>K^\#</math> and maximum variance inflation factors (<math>VIF_{\max}</math>) under different parameter sets in the Dickerson model</i>	113
Tabelle 3.18b:	GLS-Parameterschätzwerte mit Standardfehlern bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Dickerson-Modell am Beispiel des 14-Tage-Gewichtes	
<i>Table 3.18b:</i>	<i>GLS-parameter estimates with standard errors for different parameter sets in the Dickerson model for body weight at weaning</i>	113
Tabelle 3.19:	Übersicht über die untersuchten Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Wachstums- und Gewichtsleistung	
<i>Table 3.19:</i>	<i>Number of observations per trait and breeding group: Growth and body weight traits</i>	129
Tabelle 3.20:	Übersicht über die Anzahl untersuchter Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Reproduktionsmerkmale	
<i>Table 3.20:</i>	<i>Number of observations per trait and breeding group: Reproduction traits</i>	130
Tabelle 3.21:	Übersicht über die Anzahl untersuchter Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Gesamtproduktivitätsmerkmale bezogen auf Muttertier und Halbjahr (182 Tage) bzw. auf metabolisches Muttergewicht (kg0.75) und Halbjahr	
<i>Table 3.21:</i>	<i>Number of observations per trait and breeding group: Productivity traits</i>	131
Tabelle3.22:	Übersicht über die untersuchten Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Schlachtleistung	
<i>Table 3.22:</i>	<i>Number of observations per trait and breeding group: Carcass traits</i>	132
Tabelle3.23:	Pedigreeinformationen zu den verschiedenen Zuchtgruppen	
<i>Table 3.23:</i>	<i>Pedigree information for the different breeding groups</i>	131

Tabelle 4.1:	Varianzkomponentenschätzwerte und Varianzenverhältnisse für Gewichts- und Wachstumsmerkmale bei den Zuchtlinien (Gesamtdatenmaterial)	
<i>Table 4.1:</i>	<i>Variance component estimates and ratios for body weight and growth traits</i>	146
Tabelle 4.2:	GLS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Merkmale der Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen	
<i>Table 4.2 GLS</i>	<i>breeding group mean estimates and standard errors for body weight development from birth to weaning</i>	149
Tabelle 4.3:	GLS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Merkmale der Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen [g]	
<i>Table 4.3:</i>	<i>GLS crossbreeding parameter estimates and standard errors for body weight development from birth to weaning [g]</i>	153
Tabelle 4.4:	Überlebensraten während der Aufzucht im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf	
<i>Table 4.4</i>	<i>Survival rates from birth to weaning (breeding group comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	155
Tabelle 4.5:	Überlebensraten während der Aufzucht im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf	
<i>Table 4.5:</i>	<i>Survival rates from birth to weaning (year season month comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	156
Tabelle 4.6:	GLS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Merkmale der Gewichts- und Wachstumentwicklung nach dem Absetzen sowie insgesamt	
<i>Table 4.6:</i>	<i>GLS Breeding group means and standard errors for body weight and growth development after weaning and in total</i>	158
Tabelle 4.7:	GLS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Merkmale der Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt [g]	
<i>Table 4.7:</i>	<i>GLS crossbreeding parameter estimates and standard errors for body weight and growth development after weaning and in total [g]</i>	164
Tabelle 4.8:	Überlebensraten vom Absetzen bis zum Mastende im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf	
<i>Table 4.8:</i>	<i>Survival rates from weaning to the end of fattening (breeding group comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	168
Tabelle 4.9:	Überlebensraten vom Absetzen bis zum Mastende im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf	
<i>Table 4.9:</i>	<i>Survival rates from weaning to the end of fattening (year season month comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	169
Tabelle 4.10:	Oestrusexpression bis zum 84. Lebenstag im Vergleich der Zuchtgruppen	
<i>Table 4.10:</i>	<i>Oestrus expression till the 84th day of age (breeding group comparison)</i>	170

Tabelle 4.11:	Oestrusexpression bis zum 84. Lebenstag im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen	
<i>Table 4.11:</i>	<i>Oestrus expression till the 84th day of age (year season month comparison)</i>	
Tabelle 4.12:	LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Schlachtleistungsmerkmale	
<i>Table 4.12:</i>	<i>LS breeding group means and standard errors for carcass traits</i>	174
Tabelle 4.13:	LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Schlachtleistungsmerkmale	
<i>Table 4.13:</i>	<i>LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for carcass traits</i>	176
Tabelle 4.14:	LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Erstlingwurfintervall, Zwischenwurfzeit und Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr	
<i>Table 4.14:</i>	<i>LS breeding group means and standard errors for the interval between mating and first litter, the interval between litters and the number of litters per dam and half year</i>	184
Tabelle 4.15:	LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Erstlingswurfintervall, Zwischenwurfzeit und Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr.	
<i>Table 4.15:</i>	<i>LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for the interval between mating and first litter, the interval between litters and the number of litters per dam and half year</i>	179
Tabelle 4.16:	Wurfrate im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.	
<i>Table 4.16:</i>	<i>Litter rate (breeding group comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	180
Tabelle 4.17:	Wurfraten im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf.	
<i>Table 4.17:</i>	<i>Litter rate (year season month comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	181
Tabelle 4.18:	Überlebensrate der weiblichen Zuchttiere im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf	
<i>Table 4.18:</i>	<i>Dams' survival rate (breeding group comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	182
Tabelle 4.19:	Überlebensraten der weiblichen Zuchttiere im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf.	
<i>Table 4.19:</i>	<i>Dams' survival rate (year season month comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	183
Tabelle 4.20:	LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Merkmale der Wurfgröße von der Geburt bis zum Absetzen.	
<i>Table 4.20:</i>	<i>LS breeding group means and standard errors for litter size from birth to weaning</i>	178

Tabelle 4.21:	Perinatale Mortalität (inkl. Totgeburtenrate) im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.	
Table 4.21:	<i>Perinatal mortality (incl. still born) (breeding group comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	178
Tabelle 4.22:	Perinatale Mortalität (inkl. Totgeburtenrate) im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf.	
Table 4.22:	<i>Perinatal mortality (incl. still born) (year season month comparison) in the 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> litter</i>	179
Tabelle 4.23:	LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Merkmale der Wurfgröße von der Geburt bis zum Absetzen	
Table 4.23:	<i>LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for litter size from birth to weaning</i>	179
Tabelle 4.24:	LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für das Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen	
Table 4.24:	<i>LS breeding group means and standard errors for litter weight at birth and weaning</i>	179
Tabelle 4.25:	LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für das Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen	
Table 4.25:	<i>LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for litter weight at birth and weaning</i>	179
Tabelle 4.26:	LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für das Muttergewicht und das metabolische Muttergewicht.	
Table 4.26:	<i>LS breeding group means and standard errors for dam weight and metabolic dam weight</i>	210
Tabelle 4.27:	LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für das Muttergewicht [g] und das metabolische Muttergewicht [ $\text{kg}^{0.75} \cdot 1000$ ]	
Table 4.27:	<i>LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for dam weight [g] and metabolic dam weight [<math>\text{kg}^{0.75} \cdot 1000</math>]</i>	212
Tabelle 4.28:	LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Gesamtleistungskriterien: Anzahl Nachkommen pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum	
Table 4.28:	<i>LS breeding group means and standard errors for number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum</i>	214
Tabelle 4.29:	LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Gesamtleistungsmerkmale: Anzahl Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr sowie pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum	
Table 4.29:	<i>LS crossbreeding parameter estimates for productivity traits: Number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum</i>	207

Tabelle 4.30: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für  
Gesamtleistungsmerkmale: Gewicht der Nachkommen pro Muttertier und  
Halbjahr [g] sowie pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr [ $\text{kg} /$   
 $\text{kg}^{0.75} * 1000$ ] von der Geburt bis 84 Tage post partum

*Table 4.30: LS breeding group means for productivity traits: Progeny weight per  
dam [g] and per metabolic dam weight [ $\text{kg} / \text{kg}^{0.75} * 1000$ ] in the first  
half year of production from birth to 84 days post partum*

207

Tabelle 4.31: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für  
Gesamtleistungsmerkmale: Gewicht der Nachkommen pro Muttertier und  
Halbjahr [g] sowie pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr [ $\text{kg} /$   
 $\text{kg}^{0.75} * 1000$ ] von der Geburt bis 84 Tage post partum

*Table 4.31: Crossbreeding parameter estimates and standard errors for productivity  
traits: Progeny weight per dam [g] and per metabolic dam weight [ $\text{kg} /$   
 $\text{kg}^{0.75} * 1000$ ] in the first half year of production from birth to 84 days  
post partum*

207

Tabelle 5.1: Vorhergesagte Zuchtgruppenmittelwerte auf der Basis der geschätzten  
Kreuzungsparameter für das Gesamtnachkommengewicht pro  
metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr 56 und 84  
Tage post partum [ $\text{g}/\text{kg}^{0.75} * 1000$ ]

*Table 5.1: Predicted breeding group means on the basis of the estimated  
crossbreeding parameters for progeny weight per metabolic dam weight  
in the first half year of production 56 and 84 days post partum  
[ $\text{g}/\text{kg}^{0.75} * 1000$ ]*

## **ABBILDUNGSVERZEICHNIS**

### **LIST OF FIGURES**

Abbildung 2.1: Genmodell nach KEMPTHORNE (1957)

*Figure 2.1: Gene model by KEMPTHORNE (1957)*

Abbildung 2.2: Direkte und indirekte genetische Effekte auf die Wurfgröße und deren Komponenten

*Figure 2.2: Direct and indirect genetic effects on litter size and its components*

Abbildung 2.3: Genetische Adaptation zur Minimierung der Produktionskosten unter verschiedenen Management- und Vermarktungssystemen

*Figure 2.3: Genetic adaptation for minizing production costs under different management and marketing systems*

**Abbildung 3.1: Karte von Südamerika mit Bolivien, Cochabamba**

**Figure 3.1: Map of South America with Bolivia, Cochabamba**

**Abbildung 3.2: Komponenten des Zuchtprogramms**

**Figure 3.2: Components of the breeding programme**

**Abbildung 3.3: Kreuzungszuchtstruktur für die Erstellung des Datenmaterials**

**Figure 3.3: Crossbreeding structure for the composition of the data basis**

Abbildung 4.1: Verteilungsprofile von Gewichts- und Wachstumsmerkmalen auf der Basis des Gesamtmaterials

*Figure 4.1: Distribution profiles of body weight and growth traits*

Abbildung 4.2: Jungtierentwicklung während der Aufzucht im Vergleich der Zuchtgruppen (GLS-Mittelwerte)

*Figure 4.2: Breeding group comparison for body weight development from birth to weaning (GLS means)*

Abbildung 4.3: Kreuzungsparameter für die Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen in % des GLS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie

*Figure 4.3: Crossbreeding parameter estimates for body weight development from birth to weaning in % of the GLS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.4: Gewichtsentwicklung vom Absetzen bis zum Mastende sowie Gesamtzunahmen im Vergleich der Zuchtgruppen (GLS-Mittelwerte)

*Figure 4.4: Breeding group comparison for body weight development from weaning to the end of fattening (GLS means)*

Abb.4.5: Kreuzungsparameter für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung vom Absetzen bis zum Mastende sowie der Gesamtzunahmen in % des GLS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie

*Figure 4.5: Crossbreeding parameter estimates for body weight and growth development from weaning to the end of fattening and in total in % of the GLS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.6: Verteilungsprofile von Schlachtleistungsmerkmalen auf der Basis eines Teilmaterials

*Figure 4.6: Distribution profiles of carcass traits*

Abbildung 4.7: Schlachtleistungsmerkmale im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)

*Figure 4.7: Breeding group comparison for carcass traits (LS means)*

Abbildung 4.8: Kreuzungsparameter für Schlachtleistungsmerkmale in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie

*Figure 4.8: Crossbreeding parameter estimates for carcass traits in % of the LS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.9: Verteilungsprofile von Reproduktionsmerkmalen auf der Basis des Gesamtmaterials

*Figure 4.9: Distribution profiles of reproduction traits*

Abbildung 4.10: Erstlingswurfintervall, Zwischenwurfzeit und Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)

*Figure 4.10: Breeding group mean comparison for the interval between mating and first litter, the interval between litters and the number of litters per dam and half year*

Abbildung 4.11: Kreuzungsparameter für Merkmale der Reproduktionsfrequenz in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie

*Figure 4.11: Crossbreeding parameter estimates for reproduction frequency traits in % of the LS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.12: Wurfgrößen von der Geburt bis zum Absetzen im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)

*Figure 4.12: Breeding group comparison for litter size from birth to weaning (LS means)*

Abbildung 4.13: Kreuzungsparameter für die Wurfgrößen von der Geburt bis zum Absetzen in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie

*Figure 4.13: Crossbreeding parameter estimates for litter size from birth to weaning in % of the LS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.14: Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)

*Figure 4.14: Breeding group comparison for litter weight at birth and weaning (LS means)*



Abbildung 4.15: Kreuzungsparameter für das Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie  
*Figure 4.15: Crossbreeding parameter estimates for litter weight at birth and weaning in % of the LS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.16: Verteilungsprofile von Kriterien der Gesamtproduktivität  
*Figure 4.16: Distribution profiles for productivity traits*

Abbildung 4.17: Muttergewicht und metabolisches Muttergewicht im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)  
*Figure 4.17: Breeding group comparison for dam weight and metabolic dam weight (LS means)*

Abbildung 4.18: Kreuzungsparameter für das Muttergewicht und das metabolisches Muttergewicht in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie  
*Figure 4.18: Crossbreeding parameter estimates for dam weight and metabolic dam weight in % of the LS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.19: Anzahl Nachkommen pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)  
*Figure 4.19: Breeding group comparison for number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum (LS means)*

Abbildung 4.20: Kreuzungsparameter für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie  
*Figure 4.20: Crossbreeding parameter estimates for the number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production in % of the LS mean of the Bolivian line*

Abbildung 4.21: Nachkommengewicht pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum (Mastende) im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte)  
*Figure 4.21: Breeding group comparison for progeny weight per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum (LS means)*

Abbildung 4.22: Kreuzungsparameter für das Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie  
*Figure 4.22: Crossbreeding parameter estimates for the progeny weight per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum in % of the LS mean of the Bolivian line*

## ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

Abb.	Abbildung
BB	Bolivianische Linie
D	Dickerson Modell
g	Gramm
GLS	General Linear System
GLSM	General Linear System Mittelwert(e)
$h^2$	Heritabilitätsschätzwert(e)
JA	Jakubec Modell
$K^{\#}$	Konditionszahl
kg	Kilogramm
LS	Least Squares
LSM	Least Squares Mittelwert(e)
m	männlich(e Tiere)
n	Stichprobenumfang
n.s.	nicht signifikant
PP	Peruanische Linie
p.p.	post partum
p	Irrtumswahrscheinlichkeit
r	Korrelationskoeffizient
S.D. oder SD	phänotypische Standardabweichung
S.E., SE oder s.e.	Standardfehler
Tab.	Tabelle
u.a.	unter anderem/n
V oder Var	Varianz
VIF	Varianz-Inflations-Faktor(en)
w	weiblich(e Tiere)
z.B.	zum Beispiel

### Kreuzungsparameter

aa	Additiv x Additiv-Interaktionen
ad	Additiv x Dominanz-Interaktionen
d	Dominanzeffekte
dd	Dominanz x Dominanz-Interaktionen
g	Liniendifferenzen
h	Dominanzeffekte nach dem Dickerson Modell
r	Rekombinationsverlust
<i>als Fußzeichen:</i>	
ap	Paarungspartner
i	individuell
m	maternal
mm	großmütterlich
nk	Nachkommen
p	paternal

## 1 Einleitung

Das Hausmeerschweinchen (*Cavia aperea* F. *porcellus*) zählt nach den auf einer Sequenzanalyse des mitochondrialen Genoms basierenden Ergebnissen von D'ERCHIA et al. (1996) nicht zu den Nagetieren. Es gehört zur Unterfamilie der Caviinae, die vier Gattungen umfasst: *Cavia*, *Galea*, *Microcavia* und *Kerodon* und nur in Südamerika verbreitet ist (HÜCKINGHAUS, 1961). Nach ELLERMAN (1940) gibt es ungefähr 17 Formen der Gattung *Cavia*, wobei das Hausmeerschweinchen nach (HÜCKINGHAUS, 1961) von *Cavia aperea* abstammt. Kreuzungen zwischen den verschiedenen Arten sind möglich, wie die Übersicht von WEIR (1974) zeigt. Unfruchtbarkeit bei den jeweiligen Hybriden kann, wenn überhaupt, erst in fortgeschrittenen Kreuzungsgenerationen auftreten.

In ihrem natürlichen Habitat ernähren sich die Meerschweinchen von Grünfutter und Früchten. Sie haben eine ausgesprochene Vorliebe für Luzerne (KING, 1956). Man spricht von einem unbekannten Wachstumsfaktor der Luzerne, der auch in der Form von Grünmehl wirksam ist (BOOTH et al., 1949, ROINE et al., 1949, REIS & MICKELSEN, 1963, LAKHNAPAL et al., 1966, SINGH, 1968, zitiert nach MANNSTAEDT, 1981). Die natürliche Nahrung ist dementsprechend reich an Rohfaser und hat eine geringe Energiedichte. Das Meerschweinchen als natürlicher Pflanzenfresser ist zwar kein Wiederkäuer, jedoch besitzt es einen funktionalen Blinddarm, von dem kurzkettige Fettsäuren absorbiert werden (HAGEN & ROBINSON, 1953, zitiert nach HIRSCH, 1973). Das freie Freßverhalten ist geprägt von vielen kleinen Mahlzeiten (HIRSCH, 1973).

Meerschweinchen leben natürlicherweise in Kolonien. Die Weibchen werden gleich nach Eintritt der Geschlechtsreife, d.h. ab dem Alter von einem Monat, von ranghöheren Männchen gedeckt. Die Trächtigkeitsdauer liegt im Durchschnitt bei 67 bis 68 Tagen, die Wurfgröße variiert zwischen 1 und 9, die Zitzenzahl ist jedoch auf zwei beschränkt. Würfe mit mehr als 6 Nachkommen sind äußerst selten. Gleich nach dem Werfen sind die Zuchtweibchen wieder deckbereit (post partum-Östrus).

Die Jungen kommen bereits mit einem voll ausgebildetem Haarkleid und offenen Augen zur Welt. Sie beginnen gleich herumzulaufen, sobald Embryonalhülle und Nabelschnur gelöst sind. Bereits am 1. Lebenstag können sie schon feste Nahrung aufnehmen (KUNKEL & KUNKEL, 1963). Die Jungenpflege ist den Autoren zufolge nicht sehr ausgeprägt: „Weibliche Tiere lehnen fremde Junge ab oder behandeln sie wie eigene. In großen Rudeln werden die Jungen ohne Unterschied von allen säugenden weiblichen Tieren gepflegt“.

Eine besondere Energieallokationsstrategie unter ad libitum Fütterungsbedingungen erlaubt es den im frühen Alter angepaarten Weibchen genauso viel an fettfreier Masse zuzunehmen wie nicht-trächtige und außerdem einen normalen Wurf zu erbringen (RAFFEL et al., 1996; RAFFEL, 1997).

In Meerschweinchenkolonien ist eine sehr komplexe soziale Ordnung erkennbar. Die Rangordnung von männlichen Meerschweinchen in heterogeschlechtlichen Kleingruppen (2 bis 5 Böcke und 1 bis 5 Weibchen) ist linear, in größeren Gruppen (ca. 20 geschlechtsreife Tiere) bildet sich eine komplexe Organisationsform von stabilen Untergruppen mit jeweils 1 bis 5 Männchen und 1 bis 7 Weibchen. Innerhalb der Untergruppen herrscht wiederum eine lineare Rangordnung bei den Männchen. Nur die ranghöchsten haben das Privileg, sich mit den Weibchen zu paaren. Auch bei den Weibchen ist eine lineare Rangordnung innerhalb der Untergruppen zu erkennen, wobei eine enge Beziehung zwischen Rang und Fortpflanzungserfolg gemessen an der Anzahl überlebender Nachkommen besteht (SACHSER, 1994).

Das Ergebnis seiner langjährigen sozialphysiologischen Untersuchungen fasst SACHSER (1994) in seiner Monographie zusammen:

„Unter adäquaten Aufwuchsbedingungen (Koloniehaltung) erwerben männliche Hausmeerschweinchen die sozialen Fähigkeiten, sich als Adulttiere mit fremden Artgenossen zu arrangieren. Als Folge tritt kaum aggressives Verhalten auf, wenn sich unbekannte Individuen in Gewinner und Verlierer differenzieren, und es kommt zu keinen physiologischen Stressreaktionen und gesundheitlichen Beeinträchtigungen. Inadäquate Aufwuchsbedingungen (Paarhaltung) resultieren hingegen in Lerndefiziten: Eskaliertes agonistisches Verhalten ist die Folge, wenn fremde Männchen in Anwesenheit eines Weibchens aufeinandertreffen. .... Extreme physiologische Veränderungen und gesundheitliche Schädigungen bis hin zum Tod können dann die Konsequenzen sein. ...“

Daher kann dem Autor zufolge „weder die Einzel- noch die Paarhaltung als tiergerechte Haltung gesehen werden. ... Für Hausmeerschweinchen stellt deshalb das Zusammenleben in Kolonien die tiergerechteste Haltung dar (vgl. SACHSER u. LICK, 1990; SACHSER, 1991).“

Die sehr komplexen Verhaltensweisen von Haus- und Wildmeerschweinchen, auf die hier nicht näher eingegangen wird, sind von KUNKEL & KUNKEL (1963), STAHNKE (1987), ROOD (1970, 1972) u.a. beschrieben. Eine spezielle Untersuchung über die Vokalisation beim Meerschweinchen liegt von BERRYMAN (1976) vor.

Die traditionelle Haltungsform der Meerschweinchen als landwirtschaftliche Nutztiere in den Andenstaaten Lateinamerikas ist die Koloniehaltung. Neben ihrer Funktion als Nahrungsquelle sind sie auch traditionell Bestandteil kultureller und gesellschaftlicher Rituale.

ARCHETTI (1992) beschreibt in seiner umfassenden und beeindruckenden Studie über die „gesellschaftliche und symbolische Welt des Meerschweinchens“ die komplexen Zusammenhänge zwischen der traditionellen Meerschweinchenhaltung und dem Gemeindeleben in acht verschiedenen ländlichen Gemeinden in Ecuador, aus der hier einige Punkte festgehalten werden:

Meerschweinchen sind fester Bestandteil eines Haushaltes. Sie leben freilaufend in häuslicher Gemeinschaft mit dem Menschen, wobei ihnen in der Regel die Küche als Habitat dient. Von großer Bedeutung ist die Feuerstelle, die ihnen in den kalten Winternächten Wärme bietet und - wie geglaubt wird - gleichzeitig durch den Rauch den Geschmack des Fleisches verfeinert. Die Haltung und Versorgung dieser Tiere obliegt der Frau, die über ein mündlich überliefertes Wissen bezüglich speziellen Fütterungs- und Hygienemaßnahmen u.a. verfügt. Meerschweinchen werden für den Eigenbedarf gehalten. Außerhalb des Haushaltes spielen sie eine wichtige Rolle im System der gesellschaftlichen Beziehungen auf horizontaler (Verwandschaft, Freunde, Nachbarn) und vertikaler Ebene (Landbesitzer, Priester, Politiker, Ärzte, u.a.) als „Gabe“, „Dank“ oder „Bezahlung“. Geschlachtet werden die Tiere nur zu besonderen Anlässen, insbesondere zu wichtigen religiösen Feiertagen und Familienfesten.

Weitere soziologische Studien liegen u.a. von BOLTON & CALVIN (1981) und MORALES (1995) vor. Die symbolische Bedeutung des Meerschweinchens kommt auch in volkstümlichen Liedern und Redewendungen zum Ausdruck (SANCHEZ, 1962). Außerdem haben Meerschweinchen eine feste Rolle in der traditionellen Heilkunde (z.B. ANDRITZKI, 1987; MORALES, 1995).

Seit den 60er Jahren wird versucht, die bislang traditionelle und mündlich weitergegebene Zucht und Haltung des Meerschweinchens durch „moderne“ Haltungs- und Zuchtmaßnahmen zu ersetzen und damit die Meerschweinchenproduktion zu steigern. Man erhofft sich dadurch in erster Linie einen Beitrag, um der Armut und den mangelhaften Ernährungsbedingungen auf dem Lande entgegenzuwirken. An den Universitäten wurden neue Haltungsformen entwickelt basierend

auf den Standards der üblichen landwirtschaftlichen Nutztiere, wie gezielte Paarungen, Trennung von Reproduktion und Produktion, nach Geschlechtern getrennte Aufzucht, u.a. Das traditionelle Haltungssystem gilt als rückständig und wird in der wissenschaftlichen Literatur als nachteilig beschrieben (z.B. ARROYO, 1986, CHAUCA, 1995).

Es stellt sich die Frage, ob der Einsatz von Zuchttieren, die aus „modernen“ Haltungssystemen stammen, sich überhaupt für die traditionelle Haltung eignen, oder ob diese Tiere gleich nach einigen Tagen Kolonie wegen Sozialstress' eingehen. Weiterhin muss untersucht werden, wie sich der Einsatz von „sozialisierten“ männlichen Zuchttieren auf das Zuchtgeschehen in Koloniehaltung auswirkt.

Das nicht dokumentierte traditionelle Wissen einheimischer Züchter könnte diese Fragen möglicherweise bereits beantworten. Auch CHAND et al. (1998) messen dem traditionellen Wissen eine große Bedeutung bei. Die Autoren schlagen u.a. die Dokumentation „indigenen“ Wissens durch partizipative Strukturen vor durch die Schaffung eines „Knowledge Network“ „indigener“ Züchter. Dies schließt den Autoren zufolge die Erfassung folgender Parameter mit ein:

- „a) criteria of selection among and within different breeds across different spatial and cultural boundaries,
- (b) inventorize a whole range of marks and features that are used to discriminate the elite versus non-elite within a breed with detailed description of each mark or feature,
- (c) recognize the variability in uses of different livestock parts justifying variability in breeding and practices, ....,
- (d) documentation of folkloric knowledge and traditions associated with the peculiarities of different breeds and the stresses to which they respond or withstand,
- (e) every contribution in the database linked with knowledge network should be acknowledged and appropriately cited/sourced. ...“

Ein globales *Knowledge Network*, wie CHAND et al. (1998) zur Erhaltung genetischer Ressourcen vorschlagen,

„We suggest that a Knowledge Network be created linking outstanding communities and individual breeders in developing and developed countries to learn from each other and converse diversity. We also argue for a global strategy combining incentives, institutions and indigenous knowledge about animal diversity“.

das die weltweiten Forschungsergebnisse vereinigt, sollte auch beim Meerschweinchen im Bereich von Züchtung und Haltung angestrebt werden. Eine gute Möglichkeit dazu und ein erster Anfang würde ein internationaler Erfahrungsaustausch auf den seit 1992 regelmäßig stattfindenden lateinamerikanischen Meerschweinchenkongressen bieten.

Wie HARDOUIN (1992) schreibt, beschränkt sich die ländliche Entwicklung nicht nur auf technische Probleme. „Die menschliche Dimension hat endlich einen Platz wiedergefunden, auf den man vorher nur zurückgegriffen hat, um durch soziologische Analysen die Ursachen von Fehlschlägen zu bestimmen. Man gesteht es jetzt den Zielgruppen von Projekten zu, bereits in dem Moment, wo man über eine Maßnahme nachdenkt, die sie betrifft, befragt zu werden. Aber eine eindisziplinäre Aktion ist selten die beste Lösung, .... Der Genetiker versteht nicht, dass der Kleinbauer zunächst die Produktionssicherheit sucht vor einer Erhöhung der Leistung, ....“

Die folgende Untersuchung, die an der Versuchsstation der Universität Mayor de San Simon in Cochabamba, Bolivien unter „modernen“ Haltungsbedingungen durchgeführt wurde, beschränkt sich auf den genetischen Aspekt. Zwei im Körpergewicht sehr unterschiedliche Linien und deren Kreuzungen werden auf ihre Reproduktions-, Gewichts- und Schlachtleistung sowie auf Kriteri-

en der Gesamtproduktivität untersucht. Durch das Vorhandensein verschiedener sekundärer Kreuzungsgenerationen ist es möglich, die Bedeutung von Kreuzungseffekten, die epistatische Effekte miteinschließen, zu schätzen.

Es werden im folgenden zunächst die möglichen Geneffekte bei Kreuzungen besprochen und die darauf basierenden möglichen (Kreuzungs)-Zuchtsysteme von der Planung bis hin zur Optimierung. Eine Übersicht über die Leistungsdaten und genetischen Parameter beim Meerschweinchen soll Aufschluss über die züchterischen Möglichkeiten geben.

Die Datenanalyse umfasst sowohl Zuchtgruppenmittelwertvergleiche als auch die Schätzung von Kreuzungsparametern. Bei der Methodik wird insbesondere auf die Problematik der Multikollinearität eingegangen, die bei der Kreuzungsparameterschätzung eine wichtige Rolle spielen kann. Ziel der Arbeit ist es, vom genetischen Standpunkt her die Effizienz der verschiedenen Zuchtsysteme unter den gegebenen Umweltverhältnissen und intensivierten Haltungsbedingungen zu beurteilen und praktische Empfehlungen für die Landeszucht zu geben.

## 2 Literatur

### 2.1 Genwirkungen bei Kreuzungen

Die Vorteile der Kreuzungszucht gegenüber Reinzucht in der Fleischproduktion sind unbestreitbar. Vor allem bei Tierarten mit hoher Reproduktionsleistung wie dem Schwein oder auch dem Huhn stellen Kreuzungstiere den Hauptanteil an Masttieren auf dem Markt.

Diese Vorteile beruhen zum einen darauf, dass durch Kreuzungszucht günstige Merkmale verschiedener Linien oder Rassen miteinander kombiniert werden können. Zum anderen ist vor allem bei Kreuzung von Linien höheren Inzuchtgrades mit der positiven Wirkung von nicht-additiven Geneffekten zu rechnen.

Umwelteffekte außer Acht gelassen, wird die Leistung einer Population durch das Wirken und Zusammenwirken unzähliger Gene verschiedener Generationen bestimmt. Hierbei wird zwischen drei Arten von Geneffekten unterschieden (Definitionen nach GLODEK, 1994):

1. Additive Geneffekte: Durchschnittliche, nur an das Gen selbst und nicht an das übrige Genom gebundene Effekte
2. Dominanzeffekte: intralokale Interaktionseffekte
3. Epistatische Effekte: Interaktionseffekte zwischen Genorten

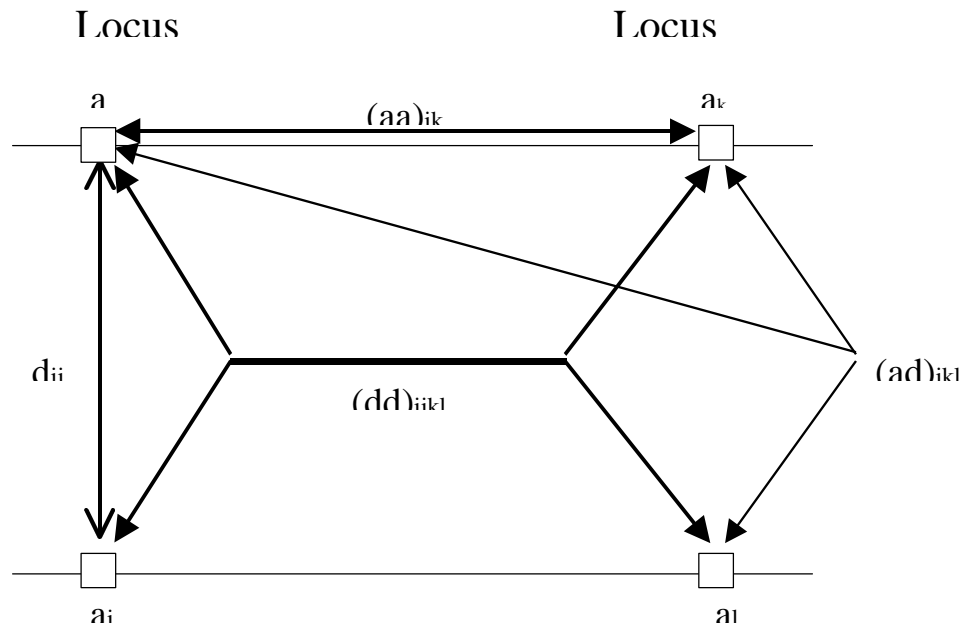
Während die Additiveffekte jeweils zur Hälfte von beiden Eltern auf die Nachkommen weitergegeben werden, entstehen Dominanz- und Epistasieeffekten jeweils neu, in Abhängigkeit der Gen(neu)komposition in den Nachkommen. Die Voraussetzung von Dominanz (partielle, vollständige oder Überdominanz) ist Heterozygotie, bzw. das Vorhandensein unterschiedlicher Allele an einem Genort und steht somit in Abhängigkeit der verschiedenen Genfrequenzen.

Epistatische Effekte können unendlich viele Formen mit jeglicher Anzahl von Genen und Loci annehmen CUNNINGHAM (1987). Daher ist es unmöglich, epistatische Effekte in einer allgemeinen Form in Modellen für Selektions- oder Kreuzungszucht zu berücksichtigen. In genetischen Modellen wird in der Regel ein Zwei-Locus-System angenommen, das, wie später gezeigt wird, seine Berechtigung findet.

COCKERHAM (1954) definiert drei Arten von Interaktionseffekten zwischen Loci:

- Additiv x Additiv-Interaktionen: aa
- Additiv x Dominanz-Interaktionen: ad
- Dominanz x Dominanz-Interaktionen: dd

WOLF & JAKUBEC (1991) stellen die Geneffekte im 2-Locus-Modell nach KEMPTHORNE (1957) graphisch dar.



**Abb. 2.1: Genmodell nach KEMPTHORNE (1957).** *Figure 2.1: Gene model by KEMPTHORNE (1957)*

Quelle: WOLF & JAKUBEC (1991)

Das Phänomen von Dominanz und Epistasie lässt sich am deutlichsten an Mendel'schen Merkmalen veranschaulichen, von denen viele Beispiele in verschiedenen Lehrbüchern beschrieben sind.

### 2.1.1 Berücksichtigung von epistatischen Effekte in Kreuzungsmodellen

Die oben beschriebenen Genwirkungen gelten sowohl bei Reinzuchten als auch bei Kreuzungen.

Bei der Schätzung von Kreuzungseffekten wird jedoch vorausgesetzt, dass die Populationsunterschiede auf additiven Effekten beruhen, und die nicht-additiven Effekte ausschließlich durch die Geninteraktionen zwischen den Ausgangspopulationen bedingt sind.

Wie PIRCHNER (1990) schreibt, „ist die Rolle der Epistasie (ist) widersprüchlich. Von Biochemie und von Physiologie her muss man sie mehr oder weniger als omnipräsent annehmen, doch ist sie bei Analysen innerhalb von Populationen kaum eindeutig nachzuweisen. Allerdings, wo passendes Material vorliegt, kann in vielen Fällen auf Epistasie geschlossen werden (Koch et al., 1985).“ Hierzu sei auch auf das Review von BARKER (1979) verwiesen, nach dem insbesondere bei reproduktiver Fitness mit epistatischen Effekten zu rechnen ist.

Zur Schätzung von epistatischen Effekten per se in Form von Kreuzungsparametern liegen verschiedene genetische Modelle vor, die in der Regel auf einem 2-Locus-System basieren. Es wurde bereits erwähnt, dass es unrealistisch ist, Interaktionen nur zwischen zwei Loci anzunehmen. Während HILL (1981, 1982) das Ausmaß der Verzerrung eines 2-Locus-Modells bei einer Interaktion von 3 Loci für bestimmte Kontraste zwischen Zuchtgruppen für das von ihm definierte Modell herleitet, beschreibt AUMANN (1986) dies für die gewichtete Summe der Einzeleffekte. Wie PIRCHNER (1989) kommentiert, existiert ausschließlich bei Additiv x Additiv-Interaktionen keine Verzerrung. Jedoch kann das 2-Locusmodell aus folgenden Gründen als gerechtfertigt betrachtet werden:

- Mit zunehmender Anzahl Loci nimmt die Kovarianz zwischen Eltern und Nachkommen ab in bezug auf epistatische Interaktionen, siehe z.B. KEMPTHORNE (1954).



- Epistatische Interaktionen höherer Ordnung sind bereits weitgehend in den primären Interaktionseffekten enthalten (z.B. KINGHORN, 1982a; HILL, 1981)
- Für Modelle zur Beschreibung der Interaktionen zwischen vielen Loci wären zu viele Parameter erforderlich, so dass sie keinen praktischen Wert hätten (KINGHORN, 1982a).
- Die Annahme von 2-Locus-Interaktionen scheint auf einer biologischen Basis zu beruhen, wie QTL-Analysen mit Hilfe von molekularen Markern gezeigt haben (WU, 1996).

Weitere Verzerrungen können durch Kopplung auftreten. Deren Ausmaß zeigt AUMANN (1986) in Abhängigkeit von verschiedenen Crossing-over-Häufigkeiten und entgegengesetzt fixierten Ausgangspopulationen: Während Additiv- und Dominanzeffekte bei Kopplung durch epistatische Effekte verzerrt werden, ändern sich die Gewichtungsfaktoren bei den epistatischen Effekten, so dass deren Bedeutung unterschätzt wird. KINGHORN (1982a) definiert einen Parameter L, der den wahren Effekt des Kopplungsbruchs widerspiegeln und den zusätzlichen epistatischen Verlust durch Kopplung messen soll. Epistatische Effekte zwischen einzelnen Genen und dem gesamten Genotyp an allen anderen Loci betrachtet derselbe Autor als Skaleneffekte, wobei er u.a. den „Kanalisationseffekt“, d.h. den selektiven Vorteil in Populationen für stabilisierende homeostatische Systeme anführt, die die Entwicklung genetisch unterschiedlicher Individuen in den Bereich eines optimalen Phänotyps steuern (kanalisieren) (WADDINGTON, 1953; RENDEL, 1959, zitiert nach KINGHORN, 1982a). Das Auftreten dieser Skaleneffekte kann laut KINGHORN (1983a) einfach überprüft werden.

Im allgemeinen wird bei der Schätzung von Kreuzungsparametern die Abwesenheit von Kopplung vorausgesetzt. Was die Anzahl von Loci betrifft, so ist das Modell von SHERIDAN (1980) für 2 bis n Loci definiert, in der Praxis kommt jedoch fast nur die 2-Locus-Version zur Anwendung, meist im Vergleich mit anderen genetischen Modellen (z.B. KINGHORN, 1983a, 1987a; FAIRFULL et al. 1987).

Die genetischen Modelle zur Schätzung epistatischer Effekte lassen sich in zwei Kategorien einteilen (KINGHORN, 1983a), wobei die Definitionen hier etwas von denen Kinghorns abweichen:

- Allgemeine Epistasie-Modelle, d.h. Modelle, bei denen die epistatischen Effekte ausgehend von der Wahrscheinlichkeit des Auftretens der spezifischen Zwischen-Locus-Interaktionen definiert werden. Eine bestimmte Interpretation bezüglich der sich daraus ergebenden biologischen Wirkungsweise auf der Ebene der Genprodukte ist damit nicht verknüpft. Hierzu können sämtliche Modelle, die alle drei Arten von epistatischen Effekten berücksichtigen, gezählt werden (z.B. MATHER & JINKS, 1981, HILL, 1982, JAKUBEC et al. 1991). Modelle dieser Kategorie für mehr als 2 Ausgangspopulationen entwickelten KINGHORN (1980a), wobei die möglichen Locus-Konfigurationen als Parameter geschätzt werden, ohne eine Hypothese zu involvieren, sowie WOLF et al. (1995).
- Spezifische Epistasie-Modelle, d.h. Modelle, bei denen in der Regel eine Art epistatischen Effekts zugrundegelegt wird, der mit einer bestimmten biochemischen / biologischen Wirkungsweise verknüpft ist. Hierzu gehören u.a. die Hypothesen X und Y von KINGHORN (1980a), die parentale Epistasie von SHERIDAN (1980) sowie der Rekombinationsverlust von DICKERSON (1969).

In den Hypothesen X und Y finden die epistatischen Effekte auf der Ebene von Genprodukten (Enzymen) eine Erklärung: Hypothese X besagt, dass zwei Gene verschiedener Loci (P und Q)

verschiedene Teile eines dimorphen Enzyms kodieren. Wenn beide Ausgangspopulationen dieselbe Menge der beiden Enzymkomponenten synthetisieren, so sind bei der F1-Generation die Hälfte der erstellten Enzymmoleküle hybrid. Der epistatische Verlust beträgt dann 0,5e.

Nach dieser Hypothese entspricht der epistatische Verlust der Wahrscheinlichkeit, dass zwei zufällig ausgewählte nicht-allele Gene in einem diploiden Individuum von verschiedenen Rassen stammen.

Nach der Hypothese Y kodieren die beiden Gene P und Q unabhängig voneinander operierende Enzyme, die im selben biochemischen Pfad wirken. Danach entspricht der epistatische Verlust der Wahrscheinlichkeit, dass beide Gene eines zufällig ausgewählten Locus von einer anderen Rasse stammen als ein zufällig ausgewähltes nicht-alleles Gen.

Wie aus dem Wort „epistatic loss“ oder epistatischer Verlust hervorgeht, wird epistatischen Effekten bei Kreuzung eine negative Wirkung zugeschrieben. KINGHORN (1980a) geht davon aus, dass innerhalb Rassen aufgebaute günstige epistatische Beziehungen durch Kreuzung zusammenbrechen können.

SHERIDAN (1980) entwickelte ein Modell, das bei einem Kreuzungsversuch zwischen White Leghorns und Australorps-Hühnern den Rückgang der Heterosis von der F1- zur F2-Generation auf 10% erklären soll. Das Resultat ist das Modell der parentalen Epistasie, das von einer Fixierung bestimmter epistatischer Genpfade in verschiedenen Rassen ausgeht. Bei der Kreuzung von 2 Rassen komplementieren sich diese Genpfade in der F1, entsprechend der Heterosis bei der Dominanztheorie. In sekundären Kreuzungsgenerationen jedoch segregieren beide Pfade, so dass z.B. im 2-Locus-Modell bei der F2 nur noch 12,5% der in der F1 auftretenden Heterosis zu erwarten ist.

Dieses ursprüngliche Modell von SHERIDAN (1980, 1981) beinhaltet einen Gesamteffekt für nicht-additive Effekte, nämlich den Heterosis-Effekt, der auf der parentalen Epistasie beruht. Mit der Restriktion  $d = -e$  teilt KINGHORN (1983a, 1987a) den Effekt der parentalen Epistasie in Dominanz- und Epistasieeffekte, wobei die Koeffizienten der Epistasie der Differenz zwischen Dominanzeffekten und parentaler Epistasie entsprechen. PIRCHNER (1989) hingegen führt den Komplementationsfaktor nach SHERIDAN (1981) zusätzlich zu den Dominanzeffekten auf, FAIRFULL et al. (1987) wenden das Sheridan-Modell in beiden Formen an: einmal unter Berücksichtigung der parentalen Epistasie ohne zusätzlichen Dominanzeffekt und einmal mit Dominanzeffekten, ohne jedoch eine Restriktion vorzunehmen.

Das in der Tierzucht am häufigsten verwendete Modell zur Schätzung von Kreuzungsparametern unter Berücksichtigung von epistatischen Effekten ist das Modell von DICKERSON (1969, 1973). Er definiert als epistatischen Effekt den Rekombinationsverlust. Wie das Wort schon andeutet, bezieht sich dieser Effekt auf Rekombinationsvorgänge, die Crossing over voraussetzen und somit bei der Meiose innerhalb von Gameten stattfinden. Dieser Rekombinationsverlust ist definiert als Anteil derjenigen unabhängig segregierenden Locipaare in Gameten der Eltern, die keine Locuskombination einer Ausgangspopulation darstellen. Die Koeffizienten lassen sich einfach mittels Kombinationsquadraten ableiten (siehe z.B. FEWSON, 1976, zitiert nach LECHNER, 1986).

Wie HILL (1981, 1982) schreibt, ist es nicht einleuchtend, dass die Gametenkonstellation in den Eltern und nicht der daraus resultierende Genotyp ausschlaggebend für die Geninteraktionen sein soll, wenn die Abwesenheit von Kopplung (unabhängig segregierende Locipaare) vorausgesetzt wird. So unterscheiden sich nach der Definition des Rekombinationsverlustes zwei heterozygote

Individuen desselben Genotyps in ihren Geneffekten je nach der Gametenkonstellation, aus der sie zustande gekommen sind. An dieser Stelle sei zur Veranschaulichung Hill (1982) zitiert:

„The term „recombination loss“ implies that coupling and repulsion heterozygotes are different. For example if P1 is UUVV and P2 is uuvv, in an F2 individual that inherits the coupling gametes UV and uv has suffered no recombination loss, in contrast to one that inherits the repulsion gametes Uv and uV. There would only be a difference if cis-acting effects of genes were important, yet the usual parametrization of recombination loss applies to unlinked loci. It would seem preferable to describe any interactions by the less ambiguous terms „additive x additive interaction“, for example ...“

Schließlich sei noch das Modell der *basic epistasis* von SCHNELL (1984) genannt. Anstatt bei sekundären Kreuzungsgenerationen ausschließlich von der nicht-allelen Interaktion zwischen Homozygoten auszugehen (Additiv x Additiv-Interaktionen:  $e_{12}$ ), sollte gleichzeitig berücksichtigt werden, dass sich auch die Dominanzverhältnisse damit ändern. Dem Autor entsprechend kann dieser Dominanzgrad ( $c_1, c_2$ ) als Korrekturfaktor für Additiv x Dominanz- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen dienen. So kann z.B. die Genkonfiguration Aa Bb wie folgt parametrisiert werden:  $c_1u_1 + c_2u_2 + c_1c_2e_{12}$ .

Die meisten genetischen Modelle können, wie WOLF & JAKUBEC (1991), WOLF & HERRENDÖRFER (1993), WOLF et al. (1995) u.a. zeigen, aus dem zunächst von COCKERHAM (1980) beschriebenen allgemeinen Modell, das 21 Parameter beinhaltet (siehe Punkt 3.5), durch entsprechende Reparametrisierungen abgeleitet werden. So ist z.B. das Jakubec-Modell identisch mit dem Modell der Hypothese X von Kinghorn, wenn Additiv x Dominanz- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen nicht berücksichtigt werden (siehe Punkt 3.5). Die Rekombinationseffekte ( $r$ ) entsprechen bei dieser Parametrisierung Additiv x Additiv-Interaktionen, der Heterosiseffekt einer Kombination aus Dominanzeffekten und Additiv x Additiv-Interaktionen ( $r=1/2 aa, h = d + 1/2 aa$ ). Die Wahl unterschiedlicher Bezugspopulationen (Metriken) spielen bezüglich der Information über die Geninteraktion keine Rolle (VAN DER VEEN, 1959).

Die verschiedenen Modelle lassen sich durch Transformationsmatrizen direkt miteinander vergleichen (AUMANN, 1986 und KOMENDER, 1987). Was die Interpretation der einzelnen Parameter betrifft, so zeigen WOLF et al. (1995), dass es infolge der Reparametrisierungen letztendlich keine eindeutige biologische Erklärung gibt. Sie führen am Beispiel von Kinghorns Modell der Hypothese X vor, dass der epistatische Effekt  $e$  einmal als Additiv x Additiv-Interaktionen betrachtet werden kann und bei alternativer Reparametrisierung als Dominanz x Dominanz-Interaktion.

Sämtliche hier erwähnten Modelle, mit Ausnahme des von SCHNELL (1984), sind ausführlich und in sehr anschaulicher Weise bereits in mehreren Dissertationen beschrieben worden. Hierbei sei vor allem die Arbeit von LECHNER (1986) erwähnt, der anhand graphischer Darstellungen die verschiedenen Geneffekte in verschiedenen Modellen deutlich vorführt. Ebenso sei auf die Arbeiten von GROSSHANS (1993), FU (1995) u.a. verwiesen.

### 2.1.2 Heterosis

Heterosiszuwachs bzw. Heterosis soll hier in quantitativer Hinsicht ganz allgemein als Abweichung des Mittelwertes der reziproken F1 vom Mittelwert der beiden Elternpopulationen oder -linien in günstiger Richtung definiert werden (z.B. SIMON, 1994), wobei vergleichbare Umweltbedingungen vorausgesetzt werden. Der Begriff „negative Heterosis“ im Falle einer ungünstigen Abweichung ist im Sinne des Namensgebers des Phänomens Heterosis widersinnig (SHULL, 1948) und sollte daher vermieden werden. Die in der Tierzucht häufig verwendete De-

definition von Heterosis geht, entsprechend der von SCHNELL (1961), von homozygoten Eltern bzw. Inzuchtlinien aus (FEWSON, 1980; FALCONER, 1984), was die Anwendung des Begriffes ziemlich einschränkt. Bei der Kreuzung ingezüchteter Linien - wobei auch hier sehr fraglich ist, ob ein Homozygotiegrad von 100 % erreicht werden kann - kann Heterosis zumeist als das Komplement oder Gegenteil der Inzuchtdepression verstanden werden. Die erwartete Heterosis bei Kreuzung ist gleich der Depression bei Inzuchtung (FALCONER, 1984).

### 2.1.2.1 Entwicklung des Heterosis-Konzeptes

Die Überlegenheit von Kreuzungen gegenüber Reinzucht wurde bereits gegen Mitte des 18. Jahrhunderts bewusst genutzt: SHULL (1952) zufolge war KÖLREUTER der erste Hybrid(pflanzen)züchter, der eine bessere Wüchsigkeit bei Hybriden zwischen verwandten Arten gegenüber diesen Arten selbst feststellte. Eine Theorie, das sog. *heterosis concept*, wurde jedoch erst von SHULL aufgrund seiner Untersuchungen mit Maishybriden zu Beginn dieses Jahrhunderts entwickelt. Hierzu schreibt SHULL (1952):

„I suggest that it is the interpretation of increased vigor, size, fruitfulness, speed of development, resistance to disease and to insect pests, or to climatic rigors of any kind, manifested by crossbred organisms as compared with corresponding inbreds, as the specific results of unlikeness in the constitutions of uniting parental gametes.“

Dieses Heterosis-Konzept, das eine Verbesserung der Fitness impliziert, gab Anlass zu zahlreichen Interpretationen und Hypothesen über das Zusammenwirken der Gene beider Eltern in einer Kreuzung. Untersuchungen im gesamten Bereich der Biologie wurden angestellt, wobei sich ein Grundlagenthema bezüglich der molekulargenetischen (z.B. SCANDALIOUS et al., 1972, zitiert nach SEDCOLE, 1981), cytogenetischen (z.B. SRIVASTAVA, 1983) und biochemischen (z.B. CATCHSIDE & OVERTON, 1958, zitiert nach FISCHER, 1978, KACSER & BURNS, 1981, ANDRESEN & CHRISTENSEN, 1981) Mechanismen bei unterschiedlichen Organismen bildete. Die bis zu den 50er Jahren entwickelten Grundlagen sind weitgehendst in dem von GOWEN (1952) veröffentlichten Buch „Heterosis“ festgehalten. CROW (1952) definiert die bis dahin zwei wesentlichen Hypothesen wie folgt:

- Dominanzhypothese:

„This notes the observed correlation between recessiveness and detrimental effect and attributes the increased vigor of heterozygosity to the covering of deleterious recessive factors by their dominant alleles.“

- Überdominanzhypothese:

„... the overdominance hypothesis assumes that heterozygosity per se is important - that there exist loci at which the heterozygote is superior to either homozygote.“

Neben bzw. als Ergänzung zu diesen Hypothesen müssen u.a. Kopplung (z.B. JONES, 1917, zitiert nach BOWMAN, 1959), Epistasie (z.B. RASMUSSEN, 1933, JINKS, 1955, zitiert nach BOWMAN, 1959) sowie interne und externe Umweltfaktoren (z.B. HAYES, 1952) berücksichtigt werden.

Insofern sieht CROW (1952) auch die Beschränktheit der genannten Hypothesen. Bewusst gesteht er dem Begriff „Heterosis“ mehr Interpretationsspielraum zu:

„With the number of genes involved in heterosis, and with the complexity of interactions known to exist in cases where individual gene effects have been isolated and studied, there must surely be all sorts of complex interactions in heterosis. Therefore no single theory can be expected to account for the entire effects of heterosis.“

OROZCO (1976, 1989) entwickelte ausgehend von LERNER (1954), der die erhöhte Fitness von

Heterozygoten gegenüber Homozygoten ausführlich begründete und diskutierte, sowie aufgrund eigener Ergebnisse bei Legehennen eine Theorie bzw. ein Modell, das den Anspruch hat, das gesamte Phänomen der Heterosis zu erklären. Er postuliert die Existenz von „Fitnessgenen“, die im heterozygoten Zustand vorteilhafter sind als im homozygoten (Überdominanz) und sich nur unter adversen Umweltbedingungen manifestieren.

Zu näheren Details über die verschiedenen Forschungen, Theorien, Diskussionen und Kontroversen zum Thema Heterosis sei auf folgende Literatur hingewiesen: BOWMAN (1959), SCHNELL (1961), FISCHER (1978), SEDCOLE (1981), FRANKEL (1983) u.a. Einen interessanten Beitrag bezüglich der umstrittenen Theorien über die Evolution der Dominanz, liefern MAYO & BÜRGER (1997).

In der Tierzucht scheint heute die Ansicht vorzuherrschen, dass Heterosis im wesentlichen auf Dominanz beruht, und Epistasie in bestimmten Fällen eine Rolle spielen kann (HILL, 1982; SPRAGUE, 1983; BECKER, 1984; CUNNINGHAM 1982, 1987; NITTER, 1991; u.a.).

Die Ergründung der Heterosis ist nach wie vor ein aktuelles Thema. Die Forschungen finden heute hauptsächlich im Bereich der Molekulargenetik statt (z.B. BRUNSCH et al., 1996, Vorträge beim Bodega Marine Laboratory Kolloquium 1996 zum Thema „The Genetic and Physiological Bases of Heterosis“).

#### **2.1.2.2 Heterosis x Umwelt-Interaktionen**

Um die Bedeutung von Heterosis bei Tieren in Verbindung mit unterschiedlichen Umweltbedingungen zu erfassen, wertete BARLOW (1981) in einer umfassenden Studie zahlreiche Kreuzungsversuche unter dem Aspekt Heterosis x Umwelt-Interaktionen aus. Seine allgemeinen Schlussfolgerungen über das Phänomen „Heterosis“ können v.a. für Kreuzungsversuche unter widrigen Umweltbedingungen (z.B. am tropischen Standort) von Bedeutung sein:

- Heterosis ist umweltabhängig, die Art der Interaktionen jedoch sind abhängig von der betrachteten Spezies und dem jeweiligen Merkmal.
- Heterosis für Wachstum scheint unter guten Umweltbedingungen bezüglich Futtermenge und -qualität bei Wiederkäuern und nach SELIER (1976) auch beim Schwein ausgeprägter zu sein.
- Heterosis für Wachstum macht sich eher unter Temperaturstress bemerkbar.
- Heterosis für Frühreife ist in der Regel unter Stress ausgeprägter.
- Heterosis für Fruchtbarkeit scheint mit zunehmendem Stress stärker zu werden.

Zweifellos spielt auch die Geschichte der Ausgangspopulationen bezüglich Inzuchtgrad und Abweichungen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (GLODEK, 1969; FEWSON, 1974; HÖRSTGEN-SCHWARK et al., 1984; KÜTTNER et al., 1991; u.a.) sowie der genetische Abstand zwischen ihnen (z.B. HICKMAN, 1982) eine wichtige Rolle. Abschließend sei hierzu noch einmal BARLOW (1981) zitiert:

„In practice, both heterozygosity and genotype x environment interaction will be involved in the expression of heterosis in most livestock species, and the relative importance of each will depend on the levels of inbreeding, the genetic difference between strains, and the magnitude and type of environmental variation.“

Heterosis x Umwelt-Interaktionen auf der Ebene der Genwirkungen sind schwierig zu ergründen. Die Heterosis kann sich je nach Umweltbedingungen aus unterschiedlichen Locusinteraktionen ergeben, die sich auch gegenseitig aufheben können, so dass eine konsistente Interpretation unmöglich ist (JINKS & JONES, 1958, zitiert nach SEDCOLE, 1981).

### 2.1.2.3 Heterosis in genetischen Modellen

Heterosis wird in der Tierzucht sehr häufig synonym mit Dominanzeffekten verwendet, was auch zumeist Berechtigung findet, wie oben bereits angedeutet worden ist: es herrscht eine lineare Beziehung zwischen dem Heterozygotiegrad und der durchschnittlichen Leistung von Kreuzungen. In diesem Falle ist das Dominanzmodell angebracht. Wenn die Beziehung von der Linearität abweicht und Kopplung ausgeschlossen werden kann, kann auf die Wirkung von Epistasie geschlossen werden (z.B. DICKERSON, 1969; HILL, 1982). In diesem Fall wird das Dominanzmodell um die unter 2.1.1 aufgeführten epistatischen Effekte erweitert; die Bezeichnung „Heterosis“ für den Dominanzeffekt ist dann nicht mehr korrekt. Wenn die Abweichung der  $\bar{F}_1$  vom Elterndurchschnitt zugrunde gelegt wird, so setzt sich Heterosis je nach Modell anders zusammen. (siehe Tabelle 2.1).

**Tab. 2.1: Komponenten der Heterosis nach verschiedenen genetischen Modellen.**  
*Table 2.1: Components of heterosis in different genetic models*

Modell	Kontraste	
	$\bar{F}_1 - 1/2 (P1 + P2)$	$\bar{F}_2 - 1/2 (RK1 + RK2)$
Dominanzmodell	D	0
Dickerson-Modell	D	1/4 r
Kinghorn (Hypothese X)	d + 1/2 e	1/8 e
Kinghorn (Hypothese Y)	D	3/8 e
Sheridan-Modell (2 Loci)	K	-1/8 k
Mather-Jinks-Modell	d - aa + dd	-1/4 aa
Hill-Modell	2d - aa	-1/4 aa
Jacubec-Modell	d + 1/2 aa + dd	1/8 aa + 1/8 dd

d: Dominanzeffekte, aa: Additiv x Additiv-Interaktionen, dd: Dominanz x Dominanz-Interaktionen, r: Rekombinationsverlust, e: epistatischer Effekt, k: Komplementaritätseffekt

Wenn Epistasie bei Kreuzungen eine wesentliche Rolle spielen sollte, gibt es keine eindeutige Definition bezüglich der quantitativen Erfassung der Heterosis. Neben der unterschiedlichen Parametrisierung spielt in diesem Falle auch die Wahl der Bezugspopulation (die Metrik) eine Rolle (HAYMAN, 1958, 1960a, zitiert nach SEDCOLE, 1981). Auf die Schwierigkeit der Interpretation bezüglich der Art der interlokalen Beziehungen wurde bereits unter 2.1.1 hingewiesen.

### 2.1.3 Komplementarität

Eine Überlegenheit der Kreuzungen gegenüber dem Elterndurchschnitt muss nicht ausschließlich auf nicht-additiven Genwirkungen beruhen, sie kann auch durch Komplementarität zustande kommen. WILLIAMS (1959) benutzte diesen Begriff in der Pflanzenzucht für das Zusammenwirken dominanter Allele zweier Loci entgegengesetzter Eltern (Internodienlänge - Dicke des Stengels). In der Tierzucht verwendete CARTWRIGHT (1970) diesen Begriff für die Art und Weise, wie verschiedene Merkmale in einer Kreuzung kombiniert werden und sich ergänzen können. Die Genwirkungen hierbei sind weitgehendst additiv.

Ausgehend von der Komposition eines Komplexmerkmals kann Komplementarität in zwei Komponenten untergliedert werden (SELLIER, 1976; JAKUBEC & HYANEK, 1982):

- Nicht-Linearitäts-Effekt, d.h. der Effekt, der durch die nicht-lineare Kombination von Produktions- und Reproduktionsmerkmalen zustande kommt (FEWSON, 1974). In der Literatur wird dieser Effekt auch als Skaleneffekt, Nicht-Linearitäts-Heterosis (MOAV, 1966a) oder

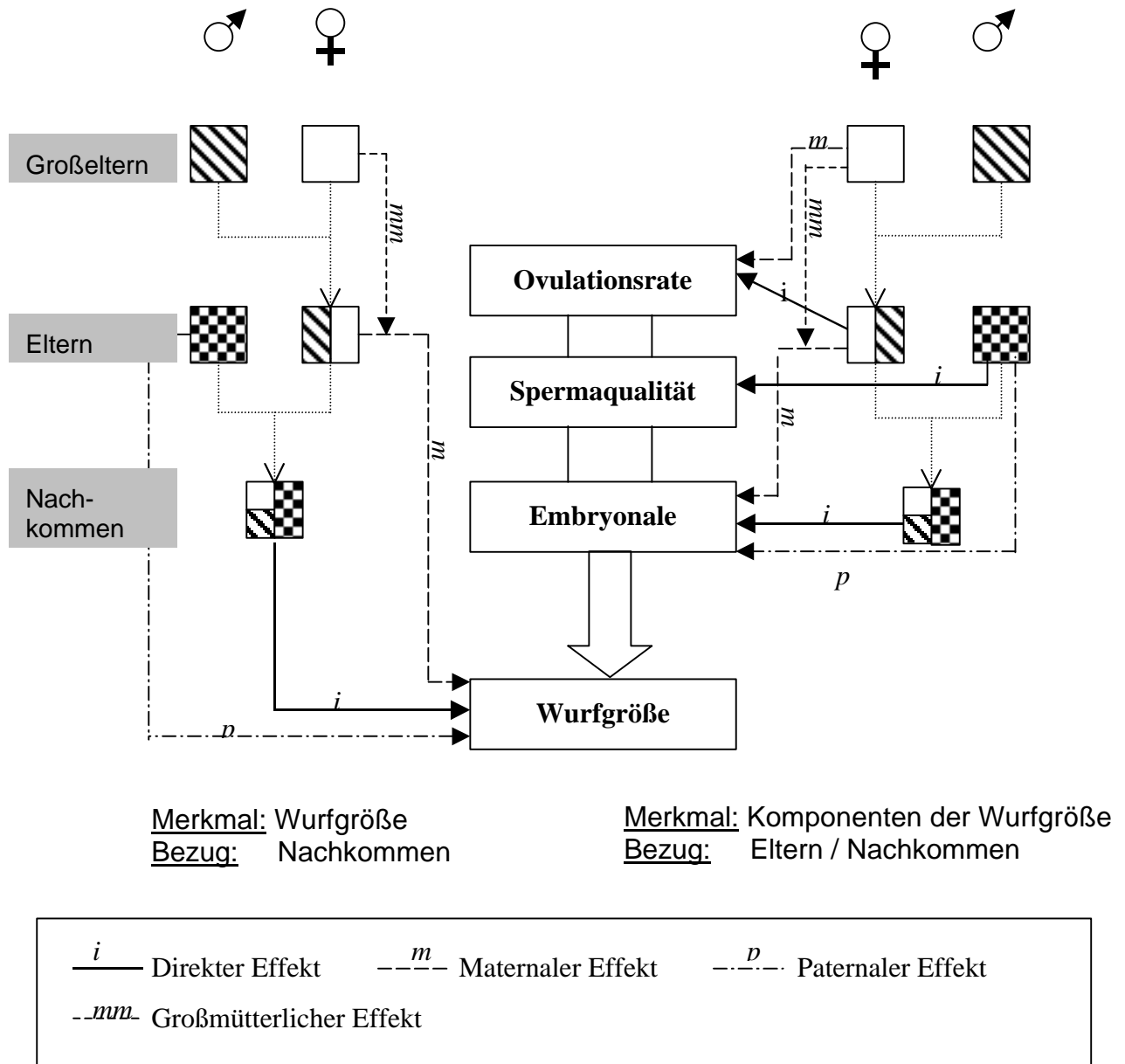
Multiplikativ- bzw. Kombinationseffekt (NITTER, 1968, zitiert nach JAKUBEC & HYANEK (1982) bezeichnet.

- Positionseffekt, d.h. der Effekt, der durch die spezifische Kombination der Einzelmerkmale und das Ausmaß der Interaktionen zwischen reziproken Kreuzungen von Ausgangspopulationen, die sich in ihren maternalen und/oder paternalen Eigenschaften unterscheiden, ergibt. MOAV (1966a) bezeichnet diesen Effekt als *Sire-Dam-Heterosis*. Der Begriff Positionseffekt stammt laut JAKUBEC & HYANEK (1982) von NITTER (1968).

Zur Berechnung der jeweiligen Effekte siehe MOAV (1966a), SELLIER (1976) und JAKUBEC & HYANEK (1982). Während verschiedene Autoren (z.B. MOAV, 1966a) Komplementarität der Heterosis zuordnen, da sie zu einer Abweichung der Durchschnittsleistung der Nachkommen gegenüber dem Elternmittel führt, trennen andere Autoren (z.B. SELLIER, 1976) bewusst die beiden Begriffe, wenn unter Heterosis ausschließlich als Resultat nicht-additiver Genwirkungen begriffen wird. In der Regel werden Komplementarität und Heterosis vermengt miteinander auftreten, v.a. was den Nicht-Linearitätseffekt betrifft. Dem Positionseffekt kann ggf. durch die Berücksichtigung mehrerer Generationsebenen Rechnung getragen werden (siehe z.B. Tab. 3.13 und 3.14).

### 2.1.4 Zusammenwirken der Geneffekte verschiedener Generationsebenen

Das Zusammenwirken der Geneffekte verschiedener Generationen lässt sich sehr gut am Beispiel der Wurfgröße und deren Komponenten darstellen:



**Abb. 2.2: Direkte und indirekte genetische Effekte auf die Wurfgröße und deren Komponenten.** *Figure 2.2: Direct and indirect genetic effects on litter size and its components*

(erweitert um paternalen Effekt nach Matheron, 1982)

Wie in der Abbildung 2.2 werden bei Kreuzungsversuchen maximal drei Generationen berücksichtigt, wobei die großelterliche Ebene auf die Großmutter mütterlicherseits beschränkt ist.

Während die direkten Effekte die Wirkung des Genotyps eines Individuums auf ein Merkmal, das an ihm selbst gemessen wird, wiedergeben, so stellen die maternalen, paternalen und grandmaternalen Effekte, die sich auf dieses Merkmal auswirken, auf der Ebene des betrachteten



Individuums Umwelteffekte dar. Diese Effekte können sowohl genetischer (additive und/oder nicht-additive Effekte) als auch nicht genetischer Art sein.

#### **2.1.4.1 Großmütterliche Effekte**

Großmütterliche Effekte sind solche, die sich über den Einfluss eines Muttertieres auf die maternalen Effekte ihrer Töchter auf die Enkelgeneration auswirken. Der Beitrag solcher Effekte zum Phänotyp der Enkel mag zwar sehr gering aber ggf. von Bedeutung sein (WILLHAM, 1972). So verzögert sich z.B. bei Schweinen mit großen Würfen die physiologische Reife des Reproduktionssystems ihrer Nachkommen aufgrund von Nahrungskonkurrenz, was eine geringere Wurfgröße zumindest beim 1. Wurf zur Folge hat und somit auch die Enkelgeneration indirekt betrifft (REVELLE & ROBISON, 1973, NELSON & ROBISON, 1976). Signifikante großmütterliche Effekte wurden auch beim Kaninchen festgestellt (z.B. BRUN & ROUVIER, 1984, 1988), u.a.

#### **2.1.4.2 Paternale Effekte**

Paternale Effekte wirken sich über den Befruchtungsvorgang auf die Nachkommen, z.B. in Form der Wurfgröße, aus. Sie sind keineswegs ein Alles-oder-Nichts-Merkmal, wie oft vorausgesetzt wird. Nicht nur die Konzeptions- und Wurfrate und -größe können signifikant beeinflusst werden, auch die Reproduktionsfrequenz. Beispiele hierzu siehe das Review von ROBISON (1986), ONISHI & MIKAMI (1990), VRILLON et al. (1979), u.a.

#### **2.1.4.3 Maternale Effekte**

Maternale Effekte haben im Vergleich zu den paternalen und großmütterlichen eine herausragende Bedeutung. Bei der Schätzung von Varianzkomponenten können sie unter der Anwendung eines Tiermodells je nach Tierart und Merkmal als maternal genetische, permanente Umwelt- und/oder Wurfumwelteffekte berücksichtigt werden. Für die Selektion ist es von großer Bedeutung, die genetische Korrelation, insbesondere das Vorzeichen, zwischen maternalem und direktem additiv genetischem Effekt zu kennen (ROEHE & KENNEDY, 1993a,b,c). Näheres hierzu siehe FISCHER (1998).

Maternale Unterschiede zwischen Linien und/oder Linienkreuzungen können bei entsprechender Nutzung einen wesentlichen Beitrag für den Erfolg von Kreuzungsprogrammen, v.a. unter Stresswirkungen (z.B. Hitzestress) leisten (z.B. HORST & MATHUR, 1990).

HOHENBOKEN (1985) unterscheidet zwischen folgenden Typen von Maternaleffekten:

- Zytoplasmatische Effekte
- Pränatale Maternaleffekte (z.B. uterine Umwelt)
- Übertragung mütterlicher Antikörper auf die Nachkommen
- Postnatale Maternaleffekte (z.B. Säugeleistung, Mutterverhalten)

Wenn die Geschlechtschromosomen nicht dem direkten Effekt zugeordnet werden wie bei KRÜGER & WUSSOW (1988), kann noch ein weiterer Typ definiert werden, nämlich die X-chromosomale Vererbung, die sich nur auf das heterogametische Geschlecht auswirkt. Schätzmodelle hierfür siehe u.a. JAMES (1973), JAKUBEC et al. (1988).

Während die Bedeutung der letzteren drei Typen von Maternaleffekten offensichtlich ist, und durch eine entsprechende Versuchsanlage wie z.B. Embryotransfer und Wurfaustausch relativ einfach nachgewiesen werden kann, ist das Wirken und Ausmaß der zytoplasmatischen Effekte nur schwer festzustellen. Einen eindeutigen Hinweis könnte z.B. ein Nukleustransfer in Zellen unterschiedliche Plasmatypen liefern (z.B. WU, 1994 in bezug auf mitochondriale Vererbung von Ohrcharakteristika beim Schwein).

Die zytoplasmatische Vererbung ist sehr komplex, wie die Untersuchung von VILKKI (1990) bei einer zytoplasmatisch übertragenen Erbkrankheit (LHON) beim Menschen zeigt: Mutationen, unterschiedliche Segregationen heteroplasmatischer Zelllinien sowie die Aktion eines X-chromosomalen Gens können bei der Expression eine Rolle spielen.

Dennoch konnte in der Pflanzen- und Tierzucht ein Zusammenhang zwischen mitochondrialer Komplementation (die erhöhte oxidative Phosphorylierungseffizienz von künstlich gemischten Mitochondrien bestimmter Inzuchtlinien, SRIVASTAVA, 1983) und Heterosis in Leistungsmerkmalen festgestellt werden (z.B. DZAPO & WASSMUTH, 1982, 1983 beim Schwein). Nach den Ergebnissen von BROWN et al. (1987) bei Mäusen zeigen die Mitochondriengemische von männlichen Tieren keine Komplementation, die der weiblichen schon. Das Ausmaß der Komplementation ist ausserdem durch die Spezifität der jeweiligen Ausgangslinien bedingt (z.B. MIKAMI et al. 1989a,b, 1991).

Es besteht kein Zweifel darüber, dass zytoplasmatische Effekte eine Auswirkung auf Leistungsmerkmale haben können. Untersuchungen weisen sogar auf eine positive Beziehung zwischen Selektion und der Wirkung solcher Effekte hin (z.B. QUELLMALZ & SCHÜLER, 1991). Die Frage, welchen quantitativen Beitrag zytoplasmatische Effekte zur Varianz verschiedener Leistungsmerkmale beitragen, ist besonders in der Rinderzucht aktuell. Während BOETTCHER et al. (1996) in einer Simualtionsstudie über Milchleistungsmerkmale feststellten, dass die Vernachlässigung zytoplasmatischer Effekte im Tiermodell zu überhöhten Heritabilitätsschätzwerten führt und dadurch die Genauigkeit der Selektion und somit der Zuchtwerte beeinträchtigt, relativieren GIBSON et al. (1997) in ihrem Review diese Verzerrung durch das wahrscheinlich sehr geringe Ausmaß. Zytoplasmatische Effekte beim Rind wurden bisher nur bei bestimmten Linien oder Rassen in unterschiedlichen Merkmalen festgestellt, wobei der relative Anteil an der phänotypischen Varianz zwischen 0 und 8% (RAABER & ESSL, 1996) schwankt. GIBSON et al. (1997) zufolge, die den Maximalbeitrag mit 5% beziffern, scheinen die erbrachten Nachweise auf das untere Ende dieser Spannweite zu deuten.

Zu detaillierteren Ausführungen über maternale Effekte per se oder im Zusammenhang mit Selektionseffizienz sei z.B. auf BAKER (1980), ROBISON (1981), HOHENBOKEN (1985), KRÜGER & WUSSOW (1988), DIETL (1989), SCHACHTNER, (1991), FISCHER (1998) u.a. verwiesen.

## 2.2 Kreuzungszuchtssysteme

Die Entscheidung für ein bestimmtes Zuchtverfahren, ob Kreuzungs- oder Reinzucht und dessen Erfolg hängt von verschiedenen Variablen ab, die zuvor bestimmt werden sollten. In erster Linie gehört zumindest, wie BIBE et al. (1976) es ausdrücken, ein allgemeiner Überblick über die physikalischen und sozio-ökonomischen Hintergründe der Tierproduktion und deren voraussichtlichen Trend in der Zukunft dazu. JOANDET (1976) weist auf die vor allem in Entwicklungsländern äußerst unterschiedlichen Strukturen hin, die nicht nur biologischer Natur sind (z.B. Klima, Bodenstruktur, Tierernährung, Hygienebedingungen) sondern auch vor allem sozialer und politischer Natur (z.B. Großstädte umgeben von landwirtschaftlicher Zone, Landbesitzverhältnisse und Landverteilung, Unsicherheit der Vermarktung). Insofern ist ein integrales Wissen um die jeweiligen lokalen Produktionssysteme die erste Voraussetzung (RUIZ, 1993), wobei holistische und partizipatorische Forschungsansätze gefordert sind (LI PUN & SERE, 1993, VALLE ZARATE, 1995).

Die Verbesserungen des genetischen Potentials, die u.a. die Vorteile mit sich bringen, dass sie per se dauerhafter Natur sind, nicht aufgebraucht werden und in ihrer Aufrechterhaltung keine Folgekosten beanspruchen (HORST, 1994), setzt die Kenntnis über das Leistungspotential in der jeweiligen Umwelt sowie die zugrunde liegenden genetischen Parameter voraus. Kreuzungszucht empfiehlt sich nur, wenn damit eine Überlegenheit gegenüber Reinzucht verbunden ist. Insofern ist es von züchterischer Bedeutung, das Ausmaß von Heterosis- und Positionseffekten sowie die Bedeutung epistatischer Effekte in sekundären Kreuzungsgenerationen zu schätzen, wenn verschiedene Rassen zur Wahl stehen.

Die züchterische Ebene betrachtet, nennt ERICSON (1988) mit Bezug auf das Milchrind die wichtigsten Faktoren für die Prädiktion der Leistung eines Kreuzungsprogramms, die ebenso für andere Spezies gelten:

- die involvierten genetischen Effekte und deren Ausmaß
- die notwendige Größe der Reinzucht-Nukleus-Population, um den genetischen Fortschritt aufrechtzuerhalten
- die Möglichkeit der Nachkommenprüfung von Vätertieren auf der Basis der Kreuzungsleistung der Nachkommen
- die vergleichende Auswertung von Kreuzungs- und konventionellen Zuchtprogrammen

Die Auswahl der in Frage kommenden Rassen (Lokal- und / oder exotische Rassen) sollte sich an deren biologischen Besonderheiten orientieren, die ein hohes Leistungspotential in der entsprechenden Umwelt erwarten lassen (KINGHORN, 1987b). Die Zahl sollte sich dabei auf 6 bis 8 beschränken (DICKERSON, 1969).

### 2.2.1 Planung von Kreuzungsversuchen

Die in Kreuzungsversuchen geschätzten Kreuzungsparameter können nicht nur darüber Aufschluss geben, ob sich Kreuzungszucht gegenüber Reinzucht lohnt, von ihnen hängt auch die Wahl und die Effizienz verschiedener Kreuzungszuchtssysteme ab. Daher ist es von äußerster Wichtigkeit, diese Parameter so genau wie möglich zu schätzen.

Verschiedene genetische Modelle wurden bereits unter Punkt 2.1 angesprochen. Weiterhin sei auf die verschiedenen Diallel-Modelle (z.B. GRIFFING, 1956, HENDERSON, 1952, EBERHART & GARDNER, 1966 bzw. GARDNER & EBERHART, 1966, EISEN et al., 1983) hingewiesen, die für einfache Hybriden die meisten Informationen liefern (siehe auch JAKUBEC et al., 1987, GÖTZ, 1989, WOLF et al., 1991, 1992, HERRENDÖRFER & SUMPFF, 1992, u.a.).

### 2.2.1.1 Optimierung des Versuchsdesigns

Die Effizienz der Schätzung der Kreuzungsparameter kann bereits durch das Design wesentlich beeinflusst werden. In der Regel wird hierbei die Methode der multiplen Regression von Leistungsdaten auf den Genanteil der verschiedenen Zuchtgruppen gemäß dem zugrundeliegenden genetischen Modell verwendet (SÖLKNER & JAMES, 1990a):

$$\begin{aligned} y &= X\beta + e \\ \hat{b} &= (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \\ \text{Var}(\hat{b}) &= (X'V^{-1}X)^{-1} \end{aligned}$$

Die Theorie optimaler Designs (KIEFER, 1959) befasst sich mit der Wahl von X (und V, wenn evt. Änderungen unabhängig von X erfolgen), so dass verschiedene Funktionen der Varianz von  $\hat{b}$  minimiert werden (SÖLKNER & JAMES, 1990a). Dies bedeutet hier konkret, eine Optimierung bezüglich der Auswahl der Zuchtgruppen und der Anzahl von Beobachtungen je Zuchtgruppe.

#### Designkriterien

Die drei am häufigsten verwendeten Designkriterien sind SÖLKNER & JAMES (1990a) zufolge

- D-Optimalität: Determinante von  $\text{Var}(\hat{b})$
- A-Optimalität: Spur von  $\text{Var}(\hat{b})$
- E-Optimalität: Maximaler Eigenwert von  $\text{Var}(\hat{b})$ .

Alle drei Kriterien sind Funktionen der Eigenwerte von  $\text{Var}(\hat{b})$ , die Determinante das Produkt und die Spur die Summe. Während A- und E-Optimalitäten nicht invariant gegenüber Skalentransformationen sind, so erfüllt die D-Optimalität die gewünschte Eigenschaft der Invarianz und scheint daher am geeignetsten zu sein, v.a. wenn die geschätzten Parameter zur Prädiktion der Leistung nicht geprüfter Zuchtgruppen dienen sollen (SÖLKNER & JAMES, 1990a).

Bei der Design-Optimierung nach dem Kriterium der D-Optimalität i.a. können auch Zeiteffekte (SÖLKNER & JAMES, 1990a), bestimmte Parametersets oder auch ein Vergleich bestimmter Zuchtsysteme in Form von linearen Funktionen speziell berücksichtigt werden (SÖLKNER, 1993a).

Bei der Berücksichtigung spezieller Parameter oder von Zeiteffekten kann das lineare Modell wie folgt partitioniert werden:

$$y = X_1\beta_1 + X_2\beta_2 + e; \quad X = (X_1 \ X_2)$$

Hierbei enthält der Vektor  $\beta_1$  die gewünschte Parameterkombination (inkl.  $\mu$ ), der Vektor  $\beta_2$  die Zeiteffekte und / oder die Kreuzungsparameter, die von sekundärem Interesse sind. Die Optimierung bestimmter Parameter-Subsets durch die Minimierung von  $|(X'V^{-1}X)^{-1}|$  bzw. der Maximierung der Determinanten  $\Delta$  von  $|X'V^{-1}X|$  wird in der Regel als *D<sub>S</sub>-Optimalität* bezeichnet:

$$\begin{aligned} \Delta &= |X_1'X_1 - X_1'X_2(X_2'X_2)^{-1}X_2'X_1| \\ &= \frac{|X'X|}{|X_2'X_2|} \end{aligned}$$

Am Beispiel des in dieser Arbeit ausgewerteten Meerschweinchenexperiments demonstriert

SÖLKNER (1993a) die Designoptimierung hinsichtlich des Vergleichs der 2-Rassen-Rotationskreuzung mit einer synthetischen Linie zu je 50% Genanteil: Die Matrix K stellt eine Teilmatrix von X dar und enthält ausschließlich die an den beiden zu vergleichenden Kreuzungssystemen beteiligten Zuchtgruppen. Aus der Multiplikation des Kontrastvektors  $c'$  mit der Matrix K ergibt sich schließlich die zu optimierende Parameterkombination  $a'$ .

$$K = \begin{bmatrix} \mu & g_i & h_i & r_i & g_m & h_m & r_m \\ 1 & .5 & .5 & .5 & .5 & .5 & .5 \\ 1 & .333 & .667 & .222 & .667 & .667 & .222 \\ 1 & .667 & .667 & .222 & .333 & .667 & .222 \end{bmatrix} \begin{matrix} \text{SYN} \\ \text{RotB} \\ \text{RotP} \end{matrix}$$

$$c' = \begin{bmatrix} \text{SYN} & \text{RotB} & \text{RotP} \\ 1 & -.5 & -.5 \end{bmatrix}$$

$$a' = c'K = \begin{bmatrix} \mu & g_i & h_i & r_i & g_m & h_m & r_m \\ 0 & 0 & -.167 & .278 & 0 & -.167 & .278 \end{bmatrix}$$

Hierbei wird eine Optimierung durch die Minimierung von  $a'(X'X)^{-1}a$  erreicht, was ein spezieller Fall der sog.  $D_A$ -Optimalität (SIBSON, 1974, zitiert nach SÖLKNER, 1993a; ATKINSON, 1988) ist.

Die Optimierung nach dem jeweiligen Kriterium erfolgt durch iterative Maximierung von  $\Delta$  in Form eines einfachen Austauschalgorithmus (MITCHELL, 1974, zitiert nach SÖLKNER, 1995). Bei der Festlegung des Ausgangsdesigns bestimmt der Anwender, welche Zuchtgruppen verwendet werden sollen, und verteilt die Anzahl der Beobachtungen gleichmäßig auf die verschiedenen Gruppen. Dann wird eine Beobachtung der Zuchtgruppe hinzugefügt, bei der der Zuwachs des gewählten Optimalitätskriterium am höchsten ist. Entsprechend wird eine Beobachtung in einer Zuchtgruppe weggenommen, wenn die Abnahme des Optimalitätskriteriums minimal ist. Dieses Hinzufügen und Wegnehmen von Beobachtungen wird solange fortgesetzt, bis sich das Optimalitätskriterium von einer Runde zur nächsten nicht mehr ändert (SÖLKNER, 1993a). Die nähere Vorgehensweise ist ausführlich bei SÖLKNER & JAMES (1990a) beschrieben.

### Effizienzvergleiche

Die Effizienz  $e$  eines suboptimalen Designs (i) im Vergleich zum optimalen Design (opt) ist am Beispiel der  $D_S$ -Optimalität wie folgt definiert (SÖLKNER & JAMES, 1990a):

$$e_i = (\Delta_i / \Delta_{\text{opt}})^{1/np},$$

wobei

$$\Delta_i = |X'_i X_i| / |X'_2 X_2|$$

$$\Delta_{\text{opt}} = |X'_{\text{opt}} X_{\text{opt}}| / |X'_2 X_2|$$

np: Anzahl der Parameter von Interesse

Ein nach einem bestimmten Kriterium optimiertes Designs zeigt deutliche Effizienzunterschiede bezüglich der anderen Kriterien. Im Beispiel beträgt der Effizienzverlust bei Optimierung nach der  $D_A$ -Optimalität gegenüber D- und  $D_S$ -Optimalität über 90%, bei Optimierung nach der  $D_S$ -Optimalität liegt er im Vergleich zur D- und  $D_A$ -Optimalität unter 30% (SÖLKNER, 1993a). Eine Kombination von Optimalitätskriterien mit unterschiedlichen Gewichten kann eine Kom-

promisslösung darstellen, wenn z.B. durch das Kreuzungsexperiment bestimmte Parameter geschätzt werden sollen, und gleichzeitig ein Vergleich verschiedener Zuchtgruppen geplant ist (SÖLKNER, 1993a).

Die Ursache für die Effizienzunterschiede verschiedener Designs liegen zum einen darin, dass der Parameterraum für die Koeffizienten der verschiedenen Parameter nicht voll genutzt wird (SÖLKNER & JAMES, 1990c). Zuchtgruppen, die die extremsten Werte in der Design-Matrix enthalten (1 und 0), liefern die meisten Informationen über die diesbezüglichen Parameter (FIMLAND, 1981). Eine weitere Ursache stellt die Multikollinearität dar (SÖLKNER & JAMES, 1990c), siehe hierzu auch Punkt 3.5.3.

Hieraus wird ersichtlich, dass in erster Linie die Wahl der entsprechenden Zuchtgruppen von entscheidender Bedeutung für ein gutes Design zu sein scheint (SÖLKNER, 1991), so dass bei Einkreuzung ausländischer Rassen sogar der Import von Tieren (Rinder) anstatt Sperma gerechtfertigt zu sein scheint (SÖLKNER & JAMES, 1990c; SCHULTE-COERNE, 1977, zitiert nach SÖLKNER & JAMES, 1990c). Die Anzahl Beobachtungen pro Zuchtgruppe ist im Vergleich dazu eher zweitrangig (SÖLKNER, 1991). Bei der Designoptimierung, die sich mittlerweile einfach mit Hilfe des Programms ODCE (SÖLKNER, 1995) durchführen lässt, sollte daher mit einem möglichst vollständigen Modell gestartet werden, um nicht Zuchtgruppen, die im voraus als eher unbedeutend eingeschätzt werden, aber tatsächlich essentiell für die Parameterschätzung sind, wegzulassen (SÖLKNER, 1991).

#### *Effekt der Paarungsstruktur*

Während beim beschriebenen Optimierungsverfahren von unabhängigen Beobachtungen ausgegangen wird, betrachten SÖLKNER & JAMES (1990b) unter Berücksichtigung der Verwandtschaftsstruktur den Effekt verschiedener Paarungsstrukturen auf die Designoptimalität bei unterschiedlichen Heritabilitäten. Neben dem Auffinden der besten Werte von  $X$  geht es auch darum, die besten Werte von  $V$  zu finden, um  $\Delta$  zu maximieren (siehe oben).

$$V = A\mathbf{s}_a^2 + I\mathbf{s}_e^2; \quad k = \frac{\mathbf{s}_e^2}{\mathbf{s}_a^2}; \quad \Rightarrow \quad V = \mathbf{s}_a^2 (A + I k)$$

Eine möglichst kleine Determinante von  $V$  ist dann zu erreichen, wenn die Diagonalelemente (Varianzen) relativ klein gehalten werden und die Off-Diagonalelemente (Kovarianzen) relativ groß und mit gleichem Vorzeichen. Bezüglich der Optimierung der Paarungsstruktur bedeutet dies eine möglichst genaue Schätzung der Zuchtgruppenmittelwerte sowie hohe Korrelationen zwischen diesen (SÖLKNER & JAMES, 1990b).

SÖLKNER & JAMES (1990b) leiten daraus folgende drei Regeln für die Planung von Kreuzungsversuchen ab:

- „1. Use as many sires as possible, with equal numbers of progeny per sire within each group;
2. Use the same sires (if possible) to produce progeny in different genetic groups;
3. If there is a limit to number of sires used each year, use different sires in different years, in order to get a larger overall number of sires.“

In Abhängigkeit von der Heritabilität des jeweiligen Merkmals und der Anzahl verfügbarer Vätertiere kann der Effizienzverlust bei ungünstiger Paarungsstruktur im Extremfall (hohe Heritabilität, geringe Anzahl von Vätertieren pro Jahr) über 50% betragen, bei mittleren Heritabilitäten und einer „vernünftigen“ Anzahl von Vätertieren über 10%. Mäßige Abweichungen von der optimalen Anzahl von Beobachtungen in den jeweiligen Zuchtgruppen hingegen scheint die Effizi-

enz nicht wesentlich zu beeinträchtigen. Eine günstige Paarungsstruktur kann daher wichtiger sein als eine optimale Zuchtgruppenbesetzung (SÖLKNER & JAMES, 1990b).

Wenn jedoch mit Genotyp x Umwelt-Interaktionen zu rechnen ist, sollten dieselben Vatertiere in aufeinanderfolgenden Zeitabschnitten verwendet werden, um eine Verknüpfung zwischen Vatergruppen herzustellen (SÖLKNER & JAMES, 1990b).

### **2.2.1.2 Weitere Planungskriterien**

In Ergänzung zu der von SÖLKNER und JAMES vorgeschlagenen Designoptimierung sind bei der Planung von Kreuzungsversuchen noch weitere Kriterien zu berücksichtigen, die zu einer erhöhten Genauigkeit der zu schätzenden Parameter beitragen können. Dies sind nach DICKERSON (1969) folgende:

- Die zur Bildung der F1 ausgewählten Elterntiere sollten eine repräsentative Stichprobe der jeweiligen Elternrasse darstellen. Die Auswahl der Elterntiere für die F2- und F3-Generationen sollte so gestaltet sein, dass die Möglichkeit der genetischen Drift minimiert wird wie auch der Inzuchtzuwachs pro Generation.
- Um eine Vermengung zwischen Zuchtgruppen- und Umwelteffekten zu vermeiden, sollte jeweils eine Kontroll-Eltern-Reinzuchtpopulation mit möglichst geringfügigen genetischen Veränderungen zwischen den Jahren als Vergleichsgruppe in den aufeinanderfolgenden Jahren oder Generationen geführt werden.
- Vergleiche zwischen Reinzucht- und Kreuzungsgruppen innerhalb Jahr sollten, wenn möglich, Innerhalb-Vatertier-Vergleiche sein, um eine Reduktion des Fehlers zu erreichen (siehe oben).
- Der Effekt des Alters von Muttertieren sollte zwischen den verschiedenen Zuchtgruppen innerhalb einer Generation ausgeglichen werden.
- Die Anzahl von Vatertieren, Muttertieren und Nachkommen sollte ausreichend sein, um Unterschiede von wirtschaftlicher Bedeutung mit genügender Genauigkeit festzustellen.

### **2.2.2 Charakteristika verschiedener Kreuzungssysteme**

Unter ausschließlicher Berücksichtigung des züchterischen Aspekts sollten die in einem sorgfältig geplanten und durchgeführten Kreuzungsversuch geschätzten Parameter entscheidend für die Wahl der entsprechenden Zuchtmethode sein. Die verschiedenen Kreuzungssysteme lassen sich nach verschiedenen Kriterien klassifizieren. So gliedert z.B. SIMON (1994) die Zucht mit mehreren Populationen nach der Nutzung von vorwiegend additiven Geneffekten und der zusätzlichen Nutzung von nicht-additiven Geneffekten (Tabelle 2.2).

**Tab. 2.2: Gliederung der Zuchtmethoden mit mehreren Populationen. Figure 2.2: Classification of breeding methods with several populations**

Unterscheidungskriterien	Beispiel
<b><i>Vorwiegend Nutzung additiver Geneffekte</i></b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Paarung teilweise und kurzzeitig mit Tieren (Vätern) aus anderen Populationen</li> <li>• Paarung überwiegend und langfristig mit Tieren (Vätern) aus anderer Population</li> <li>• Paarung überwiegend und kurzzeitig mit Tieren aus einer oder mehreren anderen Populationen; anschließend Reinzucht</li> <li>• Einfache Gebrauchskreuzung</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Veredelungskreuzung</li> <li>- Verdrängungskreuzung</li> <li>- Bildung neuer „synthetischer“ Rassen</li> <li>- Fleischbulle x Milchrasse</li> <li>- Fleischeber x Sauenlinie</li> </ul>
<b><i>Zusätzliche Nutzung nicht-additiver Geneffekte</i></b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Terminalkreuzungen <ul style="list-style-type: none"> <li>Zwei-Rassen-Kreuzung <ul style="list-style-type: none"> <li>– ohne Selektion auf Kombinationseignung</li> <li>– mit Einzeltierselektion auf Kombinationseignung</li> <li>– Rückkreuzung</li> </ul> </li> <li>Mehrrassenkreuzungen</li> </ul> </li> <li>• Rotationskreuzungen</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Zwei-Rassen-Kreuzung</li> <li>- RS, RRS</li> <li>- Drei-, Vier-Rassen-Kreuzung</li> <li>- Wechselkreuzung</li> <li>- Drei-Rassen-Rotation</li> <li>- Terminal-Rotation</li> </ul>
Kombination von Terminal- und Rotationskreuzung	

Quelle: verändert nach Simon (1994)

Eine weitere Klassifizierungsmöglichkeit besteht z.B. in der Verwendungsmöglichkeit der Kreuzungsprodukte hinsichtlich ihrer Zuchtnutzung. So unterscheidet ROBERTSON (1976) zwischen diskontinuierlichen (auch permanent, strukturiert, stabil oder statisch genannt) Kreuzungssystemen, Rotationskreuzungen und der Bildung einer neuen „synthetischen“ Rasse. Während bei diskontinuierlichen Systemen die Elternrassen „permanente Entitäten“ mit einer fixen Position in der Kreuzung darstellen (ROBERTSON, 1976), wird bei der Rotationskreuzung mit den weiblichen Kreuzungsnachkommen weitergezüchtet, bei der Bildung einer synthetischen Rasse mit männlichen und weiblichen. Die Terminalrotation, bei der die nicht zur Nachzucht erforderlichen weiblichen Kreuzungstiere mit einer „Terminalrasse“ verpaart werden, stellen eine Kombination aus Rotational- und diskontinuierlichen Systemen dar.

### 2.2.2.1 Diskontinuierliche Kreuzungssysteme

Zu den diskontinuierlichen Kreuzungssystemen zählen, die Nomenklatur von SIMON (1994) verwendend (Tabelle 2.2), die einfache Gebrauchskreuzung sowie Terminalkreuzungen. In solchen Systemen können sowohl Komplementarität als auch verschiedene Heterosiskomponenten voll genutzt werden. Der Einsatz spezieller Vater- und Mutterlinien ist um so lohnender, je größer der Populationsunterschied in Produktions- und Reproduktionsleistung sowie bei ungünstiger Korrelation innerhalb der betreffenden Linien. Die Selektion erfolgt dann spezifisch für den jeweiligen Merkmalskomplex innerhalb Linie, wobei jedoch bei der Mutterlinie die Produktionsleistung nicht vernachlässigt werden sollte (SMITH, 1964). Auch bei Rassen ähnlicher Leistung kann eine Zwei-Rassen-Kreuzung durch die Ausnutzung von Heterosiseffekten in den Nach-



kommen lohnend sein. Wenn maternale Heterosis von Bedeutung sein sollte, so ist eine Steigerung der Reproduktionsleistung durch die Verwendung von Kreuzungsmüttern möglich. Falls paternale Heterosis einen deutlichen Beitrag zu einer erhöhten Fertilität leisten kann, ist ggf. auch der Einsatz von Kreuzungsvätern empfehlenswert. Wo arbeitsteilige überregionale Organisationen bestehen, sind 3- oder 4-Rassen-Kreuzungen beim Huhn und Schwein die Regel. Wenn die entsprechende Organisation und Infrastruktur nicht gegeben sind, kommen von den diskontinuierlichen Kreuzungen ggf. einfache Gebrauchskreuzungen zum Einsatz.

### 2.2.2.2 Rotationskreuzungen

Rotationskreuzungen haben in haltungstechnischer Hinsicht den Vorteil, dass die weiblichen Kreuzungsnachkommen zur Weiterzucht verwendet werden, weshalb sie auch als kontinuierliche Kreuzungsverfahren bezeichnet werden. Je nach Anzahl der beteiligten Rassen kann ein Großteil der maximal möglichen Heterosis (Dominanzeffekte) auf individueller und maternaler Ebene genutzt werden (2/3 bei Wechselkreuzungen, 6/7 bzw. 14/15 bei 3- bzw. 4-Rassen-Rotationen). Falls epistatische Effekte von Bedeutung sein sollten, so ist der Koeffizient des Dickerson'schen Rekombinationsverlust von 2/9 verhältnismäßig niedrig. Wird jedoch ein anderes genetisches Modell, z.B. das Jakubec-Modell, zugrundegelegt, so ist bei Rotationskreuzungen mit dem höchsten Ausmaß an epistatischen Effekten zu rechnen, die insgesamt betrachtet, die einer auf 2 Rassen basierenden synthetischen Linie mit jeweils 50% Genanteil leicht überschreiten (Tabelle 2.3).

**Tab. 2.3: Koeffizienten additiver und nicht-additiver Effekte einer Wechselkreuzung sowie einer synthetischen Linie aus 2 Rassen mit je 50% Genanteil nach dem Dickerson- und dem Jakubec-Modell. Table 2.3: Coefficients of additive and non-additive effects in the Dickerson and Jakubec model for a two-breed rotational system and a synthetic line stemming from 2 breeds with a gene proportion of 50%, respectively**

Zuchtgruppe	Kreuzungseffekte					
	G	D/h	R	Ad	aa	dd
<b>RotB</b>	1/3	2/3	2/9	1/9	4/9	8/9
<b>RotP</b>	2/3	2/3	2/9	1/9	4/9	8/9
<b>SYN</b>	1/2	1/2	1/2	-	1/2	7/8

g: additive Effekte; d/h: Dominanz- bzw. Heterosiseffekt; r: Rekombinationsverlust; aa: Additiv x Additiv-Interaktionen, ad: Additiv x Dominanz-Interaktionen; Dominanz x Dominanz-Interaktionen; (vgl. Tab. 3.13 und 3.14)

Um die Variabilität zwischen aufeinanderfolgenden Generationen (weibliche Zuchttiere und Endprodukte) möglichst gering zu halten, sollten bei der konventionellen Art der Rotationskreuzung Linien vergleichbarer Leistung und gleichen Typs zum Einsatz kommen (z.B. ROBERTSON, 1976; CUNNINGHAM, 1981; ERICSON, 1988). Dies gilt unter tropischen Bedingungen vor allem auch für die Adaptationsfähigkeit. Rotationskreuzungen mit unterschiedlich angepassten Rassen können unter extremen Bedingungen leicht fehlschlagen (DAVIS & ARTHUR, 1994).

Da der Beitrag der beteiligten Vatterassen in gleichem Ausmaß erfolgt, muss jeweils nach denselben Merkmalen (Produktions- und Reproduktionsmerkmale) selektiert werden (HILL, 1970). Nach BENNETT (1987b) ist eine Wechselkreuzung der besseren Reinzuchtlinie dann überlegen, wenn die Rassendifferenz weniger als 4/3 des Heterosiszuwachses beträgt.

Modifizierte Rotationsverfahren ermöglichen es jedoch, neben nicht-additiven Effekten auch in gewissem Ausmaß Komplementarität zu nutzen, so dass Linien mit speziellen Vater- oder Mut-

tereigenschaften zum Einsatz kommen können, ohne die Variabilität zwischen den Generationen stark zu erhöhen. Auch der Organisationsaufwand, v.a. bei überlappenden Generationen lässt sich durch bestimmte Modifikationen ohne nennenswerte Leistungseinbußen verringern. Nach SAVICKY (1993a) kann zwischen folgenden Methoden der Rotationskreuzung, die auch miteinander kombiniert werden können, unterschieden werden:

- Konventionelle Rotation
- Rotationen mit Populationspräferenz
- Rotation mit Generationspräferenz
- Rotation mit kontrollierter Paarung
- Rotation ohne kontrollierte Paarung
- Terminalrotation

#### *Rotation mit Populationspräferenz*

Während bei einer konventionellen Rotationskreuzung die Vatterassen gleichmäßig in einem Rotationszyklus zum Einsatz kommen, so erfolgt bei einer Rotation mit Populationspräferenz (auch „periodic rotational crossing“, BENNETT, 1987a,b) ein wiederholter Einsatz einer bestimmten Vatterasse in der Sequenz auf Kosten einer anderen. Bei Rassen unterschiedlicher Leistung besteht der Vorteil gegenüber einer konventionellen Rotationskreuzung darin, dass die leistungsfähigere öfter zum Zuge kommt, und der höher erwartete Heterosiseffekt bei Kreuzung mit der weniger leistungsfähigen die Populationsdifferenzen kompensiert (BENNETT, 1987b).

#### *Rotation mit Generationspräferenz*

Eine Rotation mit Generationspräferenz nach MERRELL et al. (1979) ist dadurch definiert, dass eine höhere Anzahl von Muttertieren jener Generation gehalten wird, die bessere maternale Leistungen vorweisen. Bei deren Verpaarung mit einer Vatterasse hoher Produktionsleistung kann sowohl Komplementarität als auch Heterosis, vergleichbar den diskontinuierlichen Kreuzungen, genutzt werden. Aus der daraus entstehenden „Produktionsgeneration“ wird nur ein kleiner Teil der weiblichen Tiere zur Remontierung der Generation mit besseren Muttereigenschaften verwendet. Diese Art der Rotation kommt nur bei Spezies hoher Reproduktionsrate, wie z.B. dem Schwein, in Frage, um überhaupt die Möglichkeit eines Unterschiedes in der Tierzahl zwischen den Generationen zu gewährleisten (SAVICKY & NITTER, 1990). Jedoch scheint sich auch beim Schaf diese Art der modifizierten Rotationskreuzung zu lohnen (NITTER, 1988, zitiert nach SAVICKY & NITTER, 1990).

#### *Rotation ohne kontrollierte Paarung*

Nicht immer ist es einfach, die Generationszugehörigkeit der einzelnen Tiere bei überlappenden Generationen, z.B. bei Herdenhaltung, zu identifizieren. Insofern stellt die Rotation ohne kontrollierte Paarung bzw. „sire-breed rotation“ (BENNETT, 1987c), einen Kompromiss zwischen Heterosisnutzung und Organisationsaufwand dar. Es findet ein regelmäßiger Wechsel der Vatterassen statt, ohne das Pedigree der Muttertiere zu berücksichtigen. Der Heterosisverlust im Vergleich zur konventionellen Rotationskreuzung variiert bei zwei Ausgangsrassen zwischen 0.03 und 0.08% (BENNETT, 1987c). NITTER (1988), zitiert nach SAVICKY (1993a), schlägt als Option vor, nur die Muttertiere mit „korrektem“ Genanteil zur Weiterzucht zu nutzen, um das volle Ausmaß an maternaler Heterosis auszuschöpfen.

Die konventionelle sowie die Terminalrotation wurden oben bereits erwähnt. Die Rotation mit kontrollierter Paarung entspricht der Regel, wenn nicht ausdrücklich von Rotationen ohne kontrollierte Paarungen die Rede ist. Nähere Ausführungen zu den verschiedenen Arten der Rotati-

onskreuzung siehe u.a. SAVICKY & NITTER, 1990, SAVICKY, 1993.

### **2.2.2.3 Bildung neuer „synthetischer“ Rassen**

Nach HILL (1971), zitiert nach SKJERVOLD (1982), wird eine synthetische Rasse als eine Rassenkreuzung, die als neue Population oder „Gen-Pool“ weitergeführt wird, definiert. Synthetische Linien können entweder als spezielle Vater- oder Mutterlinie entwickelt werden, um diese dann in diskontinuierlichen Kreuzungssystemen einzusetzen oder auch als Kombinationslinien zur universellen Nutzung (JAKUBEC & NITTER, 1986). Im weitesten Sinne können auch die Veredelungs- und die Verdrängungskreuzung zu den Synthetics gezählt werden, wobei es sich bei der Veredelungskreuzung um eine geschlossene und bei der Verdrängungskreuzung um eine offene Form handelt (siehe unten).

Bei der Erstellung von universellen Kombinationslinien ist besonders die Möglichkeit des optimalen Beitrags jeder verfügbaren Population im System hervorzuheben, d.h. die Nutzung der genetischen Rassenunterschiede, um ein optimales Leistungsniveau in den wichtigsten bioökonomischen Merkmalen auf kontinuierlicher Basis zu erreichen und aufrecht zu erhalten (GREGORY et al., 1982, 1994). Dieser Vorteil ist den Autoren zufolge besonders wichtig für die Zuchttiere in den Tropen (Beispiel Rind) mit einer „optimum response capability“. DAVIS & ARTHUR (1994) sind der Ansicht, dass die Entwicklung spezialisierter Vater- und Mutterlinien, basierend auf verbesserten indigenen und exotischen Rassen, die beste Möglichkeit für eine genetische Verbesserung großer Wiederkäuer in den Tropen sei.

Wie bei der Rotationskreuzung können neben additiven Effekten auch Heterosiswirkungen zur Geltung kommen. Die Erwartungswerte dafür sind jedoch bei gleicher Anzahl der Ausgangspopulationen aufgrund des niedrigeren Heterozygotiegrades etwas geringer (Tab.2.3) und erreichen bei gleichmäßigem Anteil der beteiligten Populationen das höchste Ausmaß. Falls epistatische Effekte von Bedeutung sein sollten, können diese sich leistungsmindernd auswirken. Wenn der Dickerson'sche Rekombinationsverlust als Parameter dafür verwendet wird, sind diese maximal (DICKERSON, 1973), wird jedoch z.B. das Jakubec-Modell zugrundegelegt, ist bei einer Rotationskreuzung theoretisch mit etwas höheren Verlusten zu rechnen (Tab.2.3, 3.13, 3.14).

Das höchstmögliche Ausmaß an nutzbarer Heterosis bedeutet jedoch nicht, dass die Rassenkombination ausschließlich daraufhin optimiert werden sollte. Dies gilt sowohl für die Anzahl der Ausgangspopulationen als auch für den Genanteil der verschiedenen Populationen in der synthetischen Linie. Nach SKJERVOLD (1982) führt eine zunehmende Populationszahl zu

- „einer erhöhten Komponente der Heterosis,
- erhöhter genetischer Varianz und dadurch zur Möglichkeit höherer genetischer Verbesserung,
- einem erhöhten Rekombinationsverlust und
- einer reduzierten durchschnittlichen additiven Leistung der selektierten Rassen (erhöhte Rassenbeteiligung bedeutet das Einbeziehen von Rassen mit niedrigem Zuchtwert).“

#### *Auswahl der Elternrassen*

Die Auswahl der Elternrassen sollte in erster Linie nach deren Leistung und Kombinationseignung erfolgen (ROBERTSON, 1976; JAKUBEC & NITTER, 1986). „Die Prüfung von Populationen auf ökonomisch wichtige Merkmale und für spezifische Umweltbedingungen (Klima, Mikroklima, Ernährung, Haltungssysteme, etc.) stellt die Grundlage für eine effektive Auswahl der Ausgangspopulationen dar, die nach GREGORY & CUNDIFF (1980) zur Gründung einer synthetischen Population führen sollte, in der Produktion und Adaptation in allgemeinem Einklang mit der Umwelt und den Markterfordernissen stehen“ (JAKUBEC & NITTER, 1986). Dies bedeutet u.a., dass die Prüfung genau unter den Umweltbedingungen durchgeführt werden sollte,

wo die zu bildende synthetische Linie eingesetzt werden soll. Von großer Wichtigkeit ist es, die Bedeutung epistatischer Effekte, v.a. in bezug auf Krankheitsresistenz unter ungünstigen Verhältnissen, zu untersuchen (NITTER, 1981).

JAMES (1966), zitiert nach SKJERVOLD (1982), zufolge ist eine Erhöhung des genetischen Fortschritts um  $\frac{1}{4} h^2 \sigma_P$  zu erwarten, wenn die Anzahl der Populationen verdoppelt wird. Da die Anzahl Populationen mit wünschenswerter Leistung in der Regel begrenzt ist und sog. „inferiore“ Rassen sich eher leistungsmindernd auswirken, kann man davon ausgehen, dass kein großer Gewinn darin liegt, mehr als 4 bis 6 Rassen einzubeziehen (SKJERVOLD, 1982).

KINGHORN & SKJERVOLD (1981) haben anhand einer empirischen Studie eine Formel zur Bestimmung der optimalen Anzahl von Ausgangsrassen  $N_{opt}$  entwickelt, die auf Rassendifferenzen und Dominanzeffekten beruht:

$$N_{opt} = 0.76 + 1.26(\Delta A/d)^{-0.72}$$

$\Delta A$ : Mittlere Differenz zwischen „Nachbarn“ (Rangfolge nach Reinzuchtwert)

$d$ : Dominanzeffekte (mittlere  $F_1$ -Dominanz)

$N_{opt}$  ist in der Regel etwas größer als bei der besten balancierten (gleicher Genanteil der beteiligten Ausgangsrassen) Synthetic ( $\sqrt{2d / \Delta A}$ ), (KINGHORN & SKJERVOLD, 1981).

Die Anzahl Tiere pro Ausgangspopulation kann nach TAYLOR (1976a,b), zwischen 4 und 20 liegen.

#### *Bestimmung des optimalen Genanteils*

Nach Festlegung der Ausgangspopulationen kann der optimale Genanteil der jeweiligen Rasse sowohl empirisch (z.B. ALENDA & MARTIN, 1981; SCHULTE-COERNE, 1976) als auch deterministisch bestimmt werden (z.B. SCHULTE-COERNE, 1976; JAKUBEC et al., 1985). Die Annahme zugrunde gelegt, dass Heterosis auf Dominanz und/oder Überdominanz beruht, d.h. epistatische Effekte nicht von Bedeutung sind, lässt sich der mittlere genetische Wert einer synthetischen Population im Gleichgewicht (SYN) nach KINGHORN & SKJERVOLD (1981) und KINGHORN (1982b) wie folgt beschreiben.

$$SYN = P'A + P'DP,$$

wobei

$$P = \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_n \end{bmatrix} \quad A = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_n \end{bmatrix} \quad D = \begin{bmatrix} 0 & d_{12} & d_{13} & \cdot & \cdot & d_{1n} \\ d_{21} & 0 & d_{23} & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & & & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & & & \cdot \\ d_{n2} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & d_{nn} \end{bmatrix}$$

$p_i$ : Genanteil der Rasse  $i$  in der Population

$a_i$ : Additiver bzw. Reinzuchtwert der Rasse  $i$  für das jeweilige Merkmal

$d_{ij}$ : Dominanzeffekt zwischen den Rassen  $i$  und  $j$  entsprechend einer  $F_1$ -Kreuzung zwischen den jeweiligen Rassen

Die optimale Rassenkomposition einer synthetischen Linie oder eines „Multirassen“-Individuums ergibt sich dann durch die Nullsetzung der Ableitung des genetischen Werts der Synthetics im Gleichgewicht nach der Rassenkomposition  $\left( \frac{\mathbf{1} \text{ SYN}}{\mathbf{1} \text{ P}} \right)$ , (KINGHORN, 1982):

$$P_{\text{opt}} = \frac{1}{2} D^{-1} (-A + \Pi(2 + \Pi'D^{-1}A) (\Pi'D^{-1}\Pi)^{-1}),$$

$\Pi$ :  $n \times 1$  Einheitsvektor

bzw. äquivalent dazu

$$P_{\text{opt}} = (\Pi'G^{-1}\Pi)^{-1}G^{-1}\Pi,$$

wobei

$$G = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} & g_{13} & \cdot & \cdot & g_{1n} \\ g_{21} & g_{22} & g_{23} & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & & & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & & & \cdot \\ g_{n1} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & g_{nn} \end{bmatrix} = \frac{\Pi A' + A \Pi'}{2} + D$$

$g_{ij}$ : Genetischer Wert der F1-Kreuzung zwischen den Rassen i und j

$g_{ii}$ :Reinzuchtwert der Rasse i

Diese Gleichung entspricht der von EDWARDS (1977), zitiert nach KINGHORN (1982b), entwickelten Formel zur Bestimmung des Gleichgewichtspunktes in einem Ein-Locus-Modell für multiple Allele.

Bei zwei Ausgangsrassen lässt sich die optimale Genkombination wie folgt ermitteln (JAKUBEC & REHACEK, 1985; KINGHORN, 1987b):

$$P_{\text{opt}} = \frac{(a_i 1 + a_m 1) - (a_i 2 + a_m 2)}{2 \times (d_i + d_m)} + 0.5$$

$a_{in}$ : Individueller additiv genetischer Effekt der Rasse n

$a_{mn}$ : Maternaler additiv genetischer Effekt der Rasse n

$d_i$ : Individuelle Dominanzeffekte

$d_m$ : Maternale Dominanzeffekte

Hierbei wird die Populationsdifferenz, d.h. der additiv genetische Wert der synthetischen Population, in Funktion der Genanteile beschrieben mit  $(p - (1-p)) (a_1 - a_2)$ , die Dominanz- bzw. Heterosiseffekte mit  $(2p - 2p^2) d$ , wobei p den Genanteil der Rasse 1 und 1-p den Genanteil der Rasse 2 darstellt.

SCHULTE-COERNE (1976) leitet die optimale Rassenkomposition einer synthetischen Linie unter Berücksichtigung von Rekombinationsverlusten ab, wobei er die wirtschaftliche Bedeutung der einzelnen Kreuzungsparameter über die Einzelmerkmale nach FEWSON (1973), zitiert nach SCHULTE-COERNE (1976), zusammenfasst. Da in seiner Arbeit eine Veredelungs- oder Verdrängungskreuzung im Vordergrund steht, nimmt er, im Gegensatz zu KINGHORN, eine Reinzuchtpopulation als Bezugsmittel. Der Koeffizient der Populationsdifferenz ist demgemäß identisch mit dem Fremdgenanteil  $p$ . Die Koeffizienten für Rekombinationsverluste (Dickerson-Modell) entsprechen denen für Heterosiseffekte ( $2p-2p^2$ ).

$$P_{\text{opt}} = \frac{1}{4} \frac{E_D}{E_H + E_R} + \frac{1}{2},$$

wobei

$$E_k = \sum_{j=1}^m w_j b_{kj}$$

$E_k$ : Ökonomische Bedeutung für den Kreuzungseffekt  $k$  (D: Populationsdifferenz, H: Heterosis, R: Rekombinationsverluste) zusammengefasst über die Merkmale  $j=1, \dots, m$

$b_{kj}$ : Geschätzter Kreuzungseffekt  $k$  im Merkmal  $j$

Eine Kombinationszüchtung erscheint dem Autor zufolge nur dann erfolgversprechend, wenn der Gewinn aus Heterosis- und Rekombinationseffekten zusammen mindestens halb so groß ist, wie der absolute ökonomische Wert der Populationsdifferenz:

$$\frac{E_H + E_R}{|E_D|} > \frac{1}{2} \quad \text{und} \quad E_H + E_R > 0$$

LIN (1996) berücksichtigt zur Ermittlung des optimalen Genanteils einer synthetischen Population wie SCHULTE-COERNE die Gesamtleistung in ökonomischer Hinsicht als lineare Kombination von genotypischer Werte, gewichtet durch die jeweiligen Wirtschaftlichkeitsfaktoren für  $n$  Ausgangspopulationen. Er verwendet dabei zwei Methoden: Die sog. Komponentenoptimierung stellt durch die Einführung von Wirtschaftlichkeitsfaktoren und die Berücksichtigung mehrerer Merkmale eine Ergänzung zur Formel von KINGHORN & SKJERVOLD (1981), KINGHORN (1982b) bzw. EDWARDS (1977), zitiert nach KINGHORN (1982b), dar.

$$P_{\text{opt}} = (\Pi' T^{-1} \Pi)^{-1} T^{-1} \Pi,$$

$$T = \begin{bmatrix} t_{11} & t_{12} & \cdot & \cdot & t_{1n} \\ t_{21} & t_{22} & \cdot & \cdot & t_{2n} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ t_{n1} & t_{n2} & \cdot & \cdot & t_{nn} \end{bmatrix}, \quad t_{ij} = g'v$$

$g$ : tx1-Vektor der genetischen Werte von  $t$  Merkmalen

$v$ : tx1-Vektor ökonomischer Gewichte

Die andere Herangehensweise ist eine Indexoptimierung, die der Komponentenoptimierung äquivalent ist. Sie beinhaltet folgende Schritte (LIN, 1996):

„1. Compute a base index, which is defined as a linear combination of traits (phenotypes) weighted by economic values (BRIM et al., 1959; WILLIAMS, 1962) for each individual of the existing crossbred data.

2. Regress the base index value (treated as a single trait) on the proportion of gene contribution to derive the additive, maternal, and direct heterosis effects of the base index (Dillard et al., 1980). ...“

Mit den auf diese Weise ermittelten Kreuzungsparameter wird die Matrix T erstellt und anschließend der optimale Genanteil der verschiedenen Ausgangspopulationen  $P_{opt}$  mit obiger Formel ermittelt.

Dass die von KINGHORN & SKJERVOLD (1981) bzw. KINGHORN (1982b) vorgeschlagene Formel keine maternalen Effekte berücksichtige, wie LIN (1996) es behauptet, ist eine sehr enge Interpretation. Die Formel kann ohne Probleme auf sämtliche Generationsebenen für additive und Dominanzeffekte angewandt werden (siehe Beispiel oben für individuelle und maternale Effekte) und ist insofern noch allgemeiner als der von LIN vorgeschlagene Ansatz, der z.B. ausdrücklich nur die individuelle Heterosis berücksichtigt.

Die Optimierungsformel, ob von KINGHORN, SCHULTE-COERNE oder LIN, setzt Heterosis bei der Kreuzung zwischen den Ausgangspopulationen voraus. Komplementarität als Beweggrund zur Bildung einer synthetischen Linie wird dabei nicht berücksichtigt.

#### *Geschlossene und offene synthetische Populationen*

Synthetische Rassen oder Linien können in offener oder geschlossener Form geführt werden. Bei der geschlossenen Form werden die verschiedenen Ausgangspopulationen so verpaart, dass die optimale Genkombinationen erreicht wird; anschließend wird die Population geschlossen und selektiert (JAKUBEC & NITTER, 1986). FEWSON et al. (1975) weisen ausdrücklich darauf hin, dass auch während der Bildungsphase eine fortlaufende Zuchtwertschätzung keineswegs überflüssig ist.

Nach dem Prinzip von WAHLUND (1928), zitiert nach LOPEZ-FANJUL (1974), liegt bei einem additiven Ein-Locus-Modell die additive Varianz einer  $F_2$  über der des Elterndurchschnitts, wenn die Elternlinien sich in ihrer Genfrequenz unterscheiden. Dies gilt auch für die Ausweitung auf mehrere additive Loci, so dass bei synthetischen Linien eine höhere additive Varianz in quantitativen Merkmalen als beim Durchschnitt der Ausgangspopulationen zu erwarten ist, wenn diese von additiven und ungekoppelten Loci kontrolliert werden (JACKSON & JAMES, 1970, zitiert nach LOPEZ-FANJUL, 1974). Jedoch ist nach HILL (1970) davon auszugehen, dass unter der Annahme des Einflusses einer großen Anzahl Loci auf die zu selektierenden Leistungsmerkmale die Genfrequenzunterschiede zwischen den verschiedenen Populationen nur sehr gering sind, und somit nicht unbedingt mit einer erhöhten additiven Varianz bei Synthetics gerechnet werden kann. Wie bereits angedeutet, konnte in der Praxis i.a. keine erhöhte additive Varianz festgestellt werden (z.B. ROBERTSON, 1971; LOPEZ-FANJUL, 1974; WEBB & KING, 1976), was auch durch andere Faktoren bedingt sein kann.

In den 50er und 60er Jahren wurden relativ zahlreiche neue geschlossene synthetische Rassen, hauptsächlich beim Rind, Schwein und Schaf gebildet mit einer oft sehr geringen Anzahl von Tieren in der Basispopulation und einer geringen effektive Populationsgröße danach. Die Rasse Santa Gertrudis kann z.B. auf einen einzigen Bullen zurückgeführt werden (RHOAD, 1949, zitiert nach LOPEZ-FANJUL, 1974); manche synthetische Schweinerassen basieren auf einem Eber und 5 Sauen, so dass Inzuchtdepression zu hohen Leistungseinbußen führte (FINE & WINTERS, 1952, 1953, zitiert nach LOPEZ-FANJUL, 1974). Verminderter Selektionserfolg und erhöhte genetische Drift sind weitere Folgen (HAMMOND, 1982).

Daher ist es vor allem bei geschlossenen Synthetics wichtig, „...dass man die effektive Populationsgröße groß genug lässt, so dass die anfänglichen Vorteile vermehrter Heterozygoten nicht vergeudet werden durch eine frühe Inzucht der synthetischen Rasse“ (DICKERSON, 1974, zitiert

nach SKJERVOLD, 1982). So sind z.B. die Ergebnisse von GREGORY et al. (1994), die drei synthetische Rinderpopulationen bildeten basierend auf 4-5 Reinzuchtrassen unterschiedlichen Typs (Charolais, Limousin, Hereford, Braunvieh, Angus, Gelbvieh, Simmental, Pinzgauer, Red Poll), wobei bis zur F4 insgesamt 21.530 Tiere mit 832 Vatertieren erzeugt wurden, sehr positiv. Es wurde in diesem Falle sogar mehr Heterosis, als nach dem Heterozygotiegrad zu erwarten war, beobachtet.

JAKUBEC & NITTER (1986) beschreiben eine offene synthetische Population als eine einheimische Population, die für die Gene überlegener Individuen aus exotischen Population geöffnet ist: „Eine solche Hybridpopulation hat einen „Genpool“, in welchem die Selektion erfolgt. Im allgemeinen ist es eine Immigration von Individuen und ganzer Populationen. ...“.

Der größte Vorteil offener Synthetics besteht demzufolge darin, dass Gene außergewöhnlicher Individuen von jeglicher Rasse oder aus jeglichem Land inkorporiert werden können, wenn sie verfügbar sind. Weiterhin erlaubt die Immigration eine intensive Selektion auch in relativ kleinen Populationen, ohne die Gefahr, schnell einen hohen Inzuchtgrad zu erreichen. Nach einigen Generationen Immigration kann die synthetische Linie sich bereits genetisch so von den besten Ausgangspopulationen unterscheiden, dass Heterosiseffekte bei Kreuzung zu erwarten sind (WEBB & KING, 1976).

HAMMOND (1982) weist u.a. noch auf den vereinfachten Ablauf des Zuchtprogramm (in einer einzigen Population), der Möglichkeit einer kontinuierlichen Auswertung anderer Genotypen ohne die Führung getrennter Versuchspopulationen, die Aufrechterhaltung des genetischen Fortschritts infolge der Nicht-Reduktion in der additiv genetischen Varianz in der Population, die Möglichkeit zur Beibehaltung oder Änderung der Selektionskriterien (Berücksichtigung von Heterosis bei der Zuchtwertschätzung) hin.

Die größte Schwierigkeit in offenen synthetischen Populationen ist WEBB & KING (1976) zufolge wahrscheinlich die Identifikation und adäquate Prüfung von Immigrantenkandidaten, um zu entscheiden, ob sie der zu verbessernden nativen Population überlegen sind oder nicht. WEBB (1976) nennt zwei Ursachen für die mögliche Verzerrung bei der Prüfung von Immigranten und deren Nachkommen:

1. Heterosiseffekte von Kreuzungen zwischen Immigranten und Nativen können den Zuchtwert nach oben verzerren.
2. Native und Immigranten werden so behandelt, als ob sie derselben Population angehören würden. Wenn die Immigranten der nativen Population überlegen sind, wird der Zuchtwert der Kreuzungstiere im Vergleich zum Zuchtwert der Nativen unterschätzt. Der Zuchtwert der Kreuzungstiere an sich ist aber überschätzt, wobei das Ausmaß der Verzerrung mit steigender Heritabilität abnimmt.

Dies kann zur Folge haben, dass die Zuchtwerte inferiorer Immigranten dermaßen überschätzt werden, so dass inferiore Gene in die native Population aufgenommen werden und den genetischen Fortschritt zurückhalten können. Eine höhere Genauigkeit bei der Zuchtwertschätzung von Reinzucht- und Kreuzungstieren kann durch die Anwendung gemischter Modelle (BLUP), Korrekturfaktoren für Heterosiseffekte, eine ausreichende Anzahl von Kreuzungstieren bei geringer Anzahl von Immigrantenpopulationen (eine oder zwei) in jeder Generation erreicht werden (WEBB, 1976).

Zur Verdrängungskreuzung als extreme Form einer offenen synthetischen Linie oder Rasse unter extremen Umweltbedingungen sei noch erwähnt, dass sie bei zunehmender Verbesserung der natürlichen und ökonomischen Umweltsituation eine flexible Anpassung des genetischen Leistungspotentials an das vorhandene oder künftig zu erwartende Umwelt- und Absatzniveau er-



möglichst, wenn das verträgliche Leistungsniveau nicht überschritten wird (HORST, 1994).

### Multirassenindex

KINGHORN (1982b) greift den Gedanken eines Selektionsindex, der die verschiedenen Genkompositionen berücksichtigt, von WEBB (1976) auf, den er zur besseren Übersichtlichkeit bezüglich seiner Weiterentwicklung folgendermaßen darstellt:

$$I_i = ABV_i + h^2 (\text{Phänotyp}_i - BGV_i); \quad ABV_i = P_i' A$$

$ABV_i$ : Durchschnittlicher Reinzuchtwert (*average breed value*) des i-ten Individuums

$BGV$  entspricht der mittleren Leistung einer Zuchtgruppe und wird als Zuchtgruppenwert (*breed genetic value*) bezeichnet, den KINGHORN nach dem Dominanzmodell wie folgt beschreibt:

$$BGV_i = P_i' A + P_{si}' D P_{di} = P_{si}' G P_{di}$$

$P_i$ : Vektor der Genanteile des i-ten Individuums

$P_{si}$ : Vektor der Genanteile des Vätertiers des i-ten Individuums

$P_{di}$ : Vektor der Genanteile des Muttertiers des i-ten Individuums

Ein möglicher Index unter der Berücksichtigung einer Generationsebene kann in Abhängigkeit von der Abweichung eines Individuums einer Zuchtgruppe von deren Zuchtgruppenwert aufgestellt werden:

$$I_i = BGV_i + b_p (\text{Phänotyp}_i - BGV_i)$$

$b_p$ : annähernd gleich der Heritabilität innerhalb Rassen

Dieser Index kann durch die Berücksichtigung der Nachkommenebene, deren Genkomposition bekannt ist, durch den Zuchtwert der Zuchtgruppe  $BBV$  (*breed breeding value*) wie folgt verbessert werden:

$$I_i = BBV_i + b_p (\text{Phänotyp}_i - BGV_i)$$

Der Zuchtwert der Zuchtgruppe des Individuums  $i$  ( $BBV_i$ ) ist definiert als bester Schätzer des Zuchtwertes des i-ten Individuums, wenn ausschließlich dessen Genkomposition bekannt ist. Er entspricht der doppelten Abweichung der Nachkommen (mit derselben Genkomposition) des betrachteten Individuums vom Mittelwert dieser Nachkommengeneration plus diesem Mittelwert:

$$BBV_i = 2 (P_i' G P_o) - M_{nk}$$

$P_o$ : Vektor des Genanteils selektierter Individuen des entgegengesetzten Geschlechts

$M_{nk}$ : Mittelwert der Nachkommengeneration

Dieser Index kann durch einfache Modifikation die Selektion von Kandidaten aus einer fremden Umwelt berücksichtigen:

$$I_{ij} = BBV_{ij} + b_j b_p (\text{Phänotyp}_{ij} - BGV_{ij})$$

$b_j$ : genetische Regression der Umwelt am Standort auf die Umwelt  $j$

$BBV_{ij}$  bezieht sich auf den Standort, während  $b_p$ ,  $\text{Phänotyp}_{ij}$  und  $BGV_{ij}$  sich auf die Umwelt  $j$  beziehen.  $BGV_{ij}$  sollte am besten von jenen Tieren geschätzt werden, die für die Schätzung von  $BBV_{ij}$  verwendet wurden (KINGHORN, 1982b).

Wenn das Ziel der Selektion nicht darin besteht, den Selektionserfolg nur in der folgenden Generation zu optimieren, so kann  $BBV$  durch einen Faktor  $k$  gewichtet werden, der die Selektion

über mehrere Generationen hinweg optimiert (der Selektionserfolg wird durch BBV limitiert, KINGHORN, 1982b):

$$I_{ij} = k \text{ BBV}_{ij} + b_j b_P (\text{Phänotyp}_{ij} - \text{BGV}_{ij})$$

k: Gewichtungskoeffizient

Der optimale Wert von k hängt von verschiedenen Faktoren, wie Selektionsintensität, genetische Korrelation zwischen den verschiedenen Umwelten, Reinzucht- und Heterosiswerten, Abnahme der genetischen Varianz innerhalb Rasse durch Selektion und der Zeitskala der Selektionsziele ab. Wenn die genetische Varianz innerhalb Rasse stabil ist, die genetische Korrelation zwischen den Umwelten eins und der höchst genetische Erfolg in der Generation t erfolgen soll, ist  $1/t$  ein „vernünftiger“ Wert für k (KINGHORN, 1982b). In seiner Simulationsstudie weist KINGHORN (1983) mögliche Schwierigkeiten bei der Ermittlung des optimalen k-Werts hin.

Zum Zuchtwert der Zuchtgruppe oder *breed breeding value* BBV hat KINGHORN (1982b) noch drei Punkte hinzuzufügen:

- Für die Selektion der Zuchttiere ist ein iteratives Verfahren erforderlich.
- Zufallspaarung wird angenommen.
- Die auf die Selektion folgende Generation befindet sich nicht immer im genetischen Gleichgewicht.

Als besonders vorteilhafte Eigenschaft des *breed breeding value* ist hervorzuheben, dass er z.B. bei einer Rasse, die noch nicht Teil der Population ist, bereits nach einer einzigen Runde Nachkommenprüfung ermittelt werden kann, auch wenn nur ein Geschlecht importiert wird (KINGHORN, 1982b). Die Ergebnisse der darauffolgenden Simulationsstudie (KINGHORN, 1983b) zeigen, dass auf  $\text{BBV}_i$  beruhende Indices den besten Selektionserfolg unter den unterschiedlichsten Bedingungen (Samenimport (einmalig/mehrmalig), Genotyp x Umwelt-Interaktionen, etc.) versprechen.

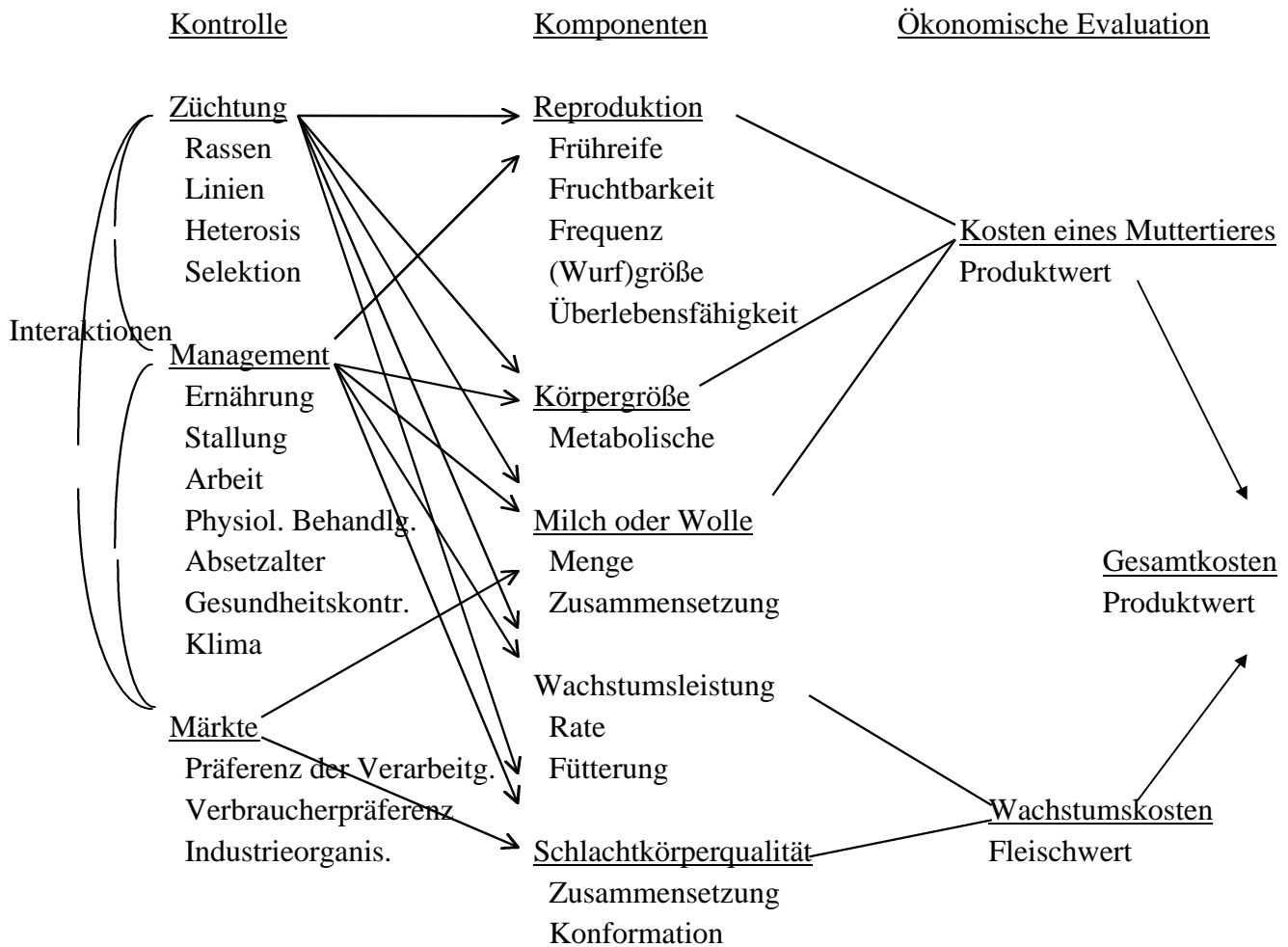
Eine Erweiterung dieses Index um maternale Effekte und Kostenfaktoren (KINGHORN, 1984, 1986) kann zur Optimierung von Kreuzungssystemen an sich dienen.

#### **2.2.2.4 Nutzung von Majorgenen**

Die Nutzung von spezifischen Majorgenen, die auf morphologische bzw. physiologische Merkmalsbildung einwirken und speziell unter tropischen Bedingungen das Akklimatisationsvermögen direkt verbessern (HORST, 1994), impliziert in der Regel die Anwendung von Kreuzungszucht. Ein bekanntes Beispiel ist die Nutzung des Zwerggens auf mütterlicher Seite in der Broilerzucht in Form eines diskontinuierlichen Kreuzungssystems (siehe MERAT, 1975, zitiert nach SELLIER, 1982). Weitere Majorgene mit Tropenrelevanz sind z.B. das Gen für fehlende bzw. geringe Wollbildung und Wollabstossung beim Schaf, sowie für Befiederungsreduktion und lockere Befiederungsstruktur beim Huhn (HORST, 1994). Es zeigte sich, dass der Einsatz von solchen Majorgenen (auch in Kombinationen) in der tropischen Hühnerzucht um so vielversprechender ist, je ungünstiger die natürlichen Bedingungen sind, und je stärker die Tiere durch dichte Befiederung und großes Körperwachstum belastet werden. Die vorherrschende Dominanz oder geschlechtschromosomale Kopplung dieser Majorgene bieten günstige Möglichkeiten zur praktischen Nutzung. Sie können z.B. über Verdrängungskreuzung einfach übertragen und mit geringem Aufwand in differenzierte - paternale - Zuchtlinien eingebracht werden (HORST, 1989a,b)

### **2.2.3 Optimierung von Kreuzungssystemen**

Die Optimierung von Zuchtverfahren umfasst verschiedene Aspekte, die je nach Tierzüchter bzw. -halter unterschiedlich gewichtet sein können. Eine sorgfältige Definition der biologischen Leistungsziele unter der Berücksichtigung der vorherrschenden Rahmenbedingungen ist die erste Voraussetzung. Dazu gehört die Bestimmung der wirtschaftlichen Bedeutung der wichtigsten Leistungskomponenten am Standort, wobei die Betonung vor allem auf den Produktionskosten liegen sollte, da die Preise i.a. in Richtung Produktionskosten tendieren und einen Gewinn illusorisch machen (DICKERSON, 1969). Insofern nennt DICKERSON (1973) die Kostenreduzierung pro Werteinheit von Produkten unter variierenden Betriebs- und Marketingverhältnissen als erstes Ziel angewandter Tierzuchtprogramme (Abb.2.3).



**Abb.2.3: Genetische Adaptation zur Minimierung der Produktionskosten unter verschiedenen Management- und Vermarktungssystemen. Figure 2.3: Genetic adaptation for minimizing production costs under different management and marketing systems**

Quelle: DICKERSON, 1973

Die Abbildung gibt einen kleinen Einblick in die komplexen Zusammenhänge und Interaktionen zwischen Zucht, Management und Marktverhältnissen, die von DICKERSON (1973) näher ausgeführt werden. Als weitere Faktoren, die in dieser Abbildung nicht berücksichtigt sind, können z.B. Umwelt (Emissionen, Gülleüberschuss, Überweidung, Erosionsförderung, etc.), politische (Gesetzgebung, Stabilität der Rahmenbedingungen) und soziologische Aspekte wie Vorurteile, Traditionen, Kenntnisstand, u.a. genannt werden (z.B. HILL, 1970; JOANDET, 1976), die nicht zu vernachlässigen sind.

SUNDSTROM et al. (1994) bezeichnen am Beispiel der Rinderzucht in Australien die oft mangelnde Kenntnis der Züchter als limitierend. Sie plädieren in dieser Hinsicht für eine größere Investition in Beratungsprogramme zur Ermittlung des Informationsbedarfs, des effektivsten Technologietransfermittels und der Entwicklung verständlichen Beratungsmaterials, was im weiteren Sinne auch zur Optimierung von Zuchtsystemen beiträgt. Im folgenden soll sich die Betrachtung der Optimierung auf die bioökonomischen Faktoren beschränken.

Unter der Berücksichtigung des genetischen Wertes des Endproduktes sowie der Kosten des Kreuzungssystems, schlägt KINGHORN (1987b) eine grobe Klassifizierung kommerzieller Kreuzungssysteme vor.

**Tab.2.4: Klassifizierung kommerzieller Kreuzungssysteme basierend auf dem Zukauf von Zuchttieren. Table 2.4: Classification of commercial crossbreeding systems by the importation of breeding animals**

Systemtyp	Beispielskreuzungen	Genetischer Wert	Laufende Kosten	Produktionszweig
Reinzucht	Eine Reinzuchtrasse (-linie)	+	-	Milchproduktion Wollschaf
Unstrukturiert - beide Geschlechter auf eigenem Betrieb	Geschlossene Synthetics	++	-	Fleischrind in den Tropen
Semi-strukturiert - männliche Tiere zugekauft	Rotationen Offene Synthetics	+++	--	Fleischrind
Voll strukturiert - beide Geschlechter zugekauft	F1-Kreuzung Rückkreuzung 3-Rassen-Kreuzung	++++	---	Fleischschaf Schwein Geflügel

„-“: geringe Kosten, „- -“: höhere Kosten, etc.; Quelle: KINGHORN, 1987b

Aus dieser Tabelle werden zwei allgemeine Regeln deutlich (KINGHORN, 1987b):

1. Wenn die Leistung einer Rasse deutlich über dem Durchschnitt liegt, ist Reinzucht das adäquateste Zuchtverfahren.
2. Es besteht eine enge Beziehung zwischen dem Komplexitätsgrad von Zuchtsystemen und der Reproduktionsrate der Spezies, da die höheren Kosten durch die bei einer hohen Reproduktionsrate relativ niedrigen Kosten für die Nachzucht kompensiert werden.

Außer der Reproduktionsrate können noch weitere Faktoren die Wahl der Zuchtmethode eingrenzen. Dies sind auf genetischer Ebene das Ausmaß der Heterosis in Eltern- und Nachkommenleistung, die genetische Inkompatibilität zwischen Eltern- und Nachkommenleistung sowie die Bedeutung von epistatischen Effekten (z.B. ROBERTSON, 1971; DICKERSON, 1973). Eine ausführliche Übersicht über eine Reihe von Klassifikationsfaktoren und deren Einfluss auf die jeweilige Zuchtmethode stellt SIMON (1994) auf. Entscheidungsdiagramme, wie z.B. die von SCHULTE-COERNE (1976) und CUNNINGHAM (1981), das von HORST (1994) spezifisch für Entwicklungsländer erweitert wurde, bei denen die involvierten Kreuzungseffekte als bekannt vorausgesetzt werden, stellen den ersten Schritt zur Ermittlung des optimalen Zuchtverfahren dar.

### 2.2.3.1 Effizienzvergleich von Zuchtsystemen

Während die oben genannten Faktoren bereits die Wahl der Zuchtmethode für die jeweilige Spezies an einem bestimmten Standort in eine bestimmte Richtung festlegen, sollte zusätzlich ein Vergleich in Frage kommender Zuchtsysteme für den speziellen Fall anhand eines Effizienzvergleiches erfolgen. Es wird dabei vorausgesetzt, dass sämtlichen genetischen und wirtschaftlichen Parameter bekannt sind. MOAV (1966a) entwickelte eine allgemeine Gewinnfunktion basierend auf der Differenz zwischen Erlös und Kosten, in der der Gewinn in einer linearen Beziehung zur Produktions- und einer reziproken zur Reproduktionsleistung steht:

$$P = C - G_y - N/x$$

P: Gewinn (*profit*)

C: Summe der fixen Erlöse und Kosten

G, N: Ökonomische Konstanten

- y: Produktionsleistung  
 x: Reproduktionsleistung

Diese Funktion lässt sich auch graphisch darstellen, wobei sich die Bedeutung von Komplementaritäts- (MOAV, 1966b) und Heterosiseffekten (MOAV 1966c) veranschaulichen lässt.

Ausgehend von dieser Gewinnfunktion berücksichtigen JAKUBEC & FEWSON (1970a,b) weitere und detailliertere Kosten- und Erlösbestandteile und unterscheiden explizit zwischen Haupt- und Nebenproduktion. So stellen z.B. bei der Schweinezucht die Hybridmastschweine in den Mastbetrieben die Hauptproduktion dar. Als Nebenprodukt fallen die Ferkel in den Vermehrungsbetrieben an, die als Sauen für die Ferkelerzeuger- oder Vermehrungsbetrieben nicht geeignet sind (JAKUBEC & FEWSON, 1970a). Die Autoren definieren die totale Gewinnfunktion ( $G_T$ ) als Summe der gewogenen Gewinnfunktionen für Haupt- ( $G_H$ ) und Nebenproduktion ( $G_N$ ):

$$G_T = \frac{1}{1+q} G_H + \frac{q}{1+q} G_N; \quad G = C - y - R_S/x$$

- C: Konstante (fixe Komponenten)  
 y: Differenz zwischen variablen Produktionskosten und der variablen Erlösbestandteile  
 $R_S$ : Muttertierhaltungskosten pro Zeiteinheit  
 x: Anzahl aufgezogener Nachkommen pro Muttertier und Zeiteinheit  
 q: Multiplikator für die Ermittlung des Umfangs der Nebenproduktion

WILSON & JOHNSON (1981) sowie QUINTANA & ROBISON (1984) verwenden einen Index, wobei eine Reinzuchtpopulation die Bezugsbasis darstellt, mit der die verschiedenen Zuchtsysteme verglichen werden. Auch das Verhältnis Kosten/Erlös kann als Effizienzkriterium eingesetzt werden (z.B. HARRIS, 1970; DICKERSON, 1970, McLAREN et al. 1987a,b). Hierzu kann auch das Kriterium Anzahl Muttertiere pro Anzahl (Standard)masttiere gezählt werden (z.B. DICKERSON, 1973; NITTER, 1978; BENNETT et al. 1983). GREGORY & CUNDIFF (1980) nehmen das Verhältnis Erlös/Kosten in Form von Verkaufseinnahmen pro Muttertier als Effizienzkriterium. Auch der systemanalytische Ansatz von CARTWRIGHT et al. (1975), der eine bestimmte Geldmenge zum Futterkauf als Vergleichsbasis nimmt, kann diesem Kriterium zugeordnet werden (SAVICKY, 1993).

Es soll an dieser Stelle nicht näher auf die verschiedenen, sehr komplexen Funktionen eingegangen werden. Hierzu sei auf die ausführliche Darstellung mit Übersicht und zusammenfassender Tabelle von SAVICKY (1993) verwiesen.

Eine äußerst umfassende Möglichkeit zur deterministischen Ermittlung der Effizienz verschiedener Zuchtsysteme (Reinzucht, sämtliche Arten von Gebrauchs- bzw. Terminalkreuzungen, Synthetics und die verschiedenen Möglichkeiten der modifizierten, Terminal- oder konventionellen Rotationskreuzungen) bei Masttieren liefert das von SAVICKY (1993) entwickelte Computer-Programm CS.

Ausgehend von einer fixen Anzahl von Tieren wird für jedes System die Haupt- und Nebenproduktion vollständig erfasst. Dabei können die Mittelwerte von bis zu 15 Produktions- und Reproduktionsmerkmalen berücksichtigt werden. Nach dem Dickerson-Modell basieren diese auf Populationseffekten sowie populationspezifischen Heterosis- und Rekombinationseffekten auf individueller, maternaler, paternaler bzw. großmütterlicher Ebene. Weiterhin sind 29 produktionstechnische und ökonomische Parameter einzugeben.

Am Beispiel der Schafffleischproduktion setzen sich Erlös und Kosten aus folgenden Komponenten zusammen (SAVICKY, 1993):

- Erlös: Masttiere (reguläre und zusätzliche)  
ausgemerzte Muttertiere  
Wolle  
Mutterschaftprämie
- Kosten: Aufzucht von der Geburt bis zum Mastbeginn  
Mast bzw. Aufzucht vom Mastbeginn bis zum Referenzalter  
Haltung der weiblichen Zuchttiere vom Referenzalter bis zur ersten Trächtigkeit  
Haltung der ausgewachsenen Muttertiere

Das Programm erlaubt den Vergleich der verschiedenen Kreuzungssysteme anhand folgender Effizienzkriterien:

- Gewinnfunktion je Muttertier oder je standardisiertes Muttertier
- Anzahl Masttiere je Muttertier und Anzahl Muttertiere je Masttier
- Nutzung der Populationseffekte
- Nutzung der Heterosis
- Nutzung der Komplementarität
- Variabilität der Verkaufserlöse der Masttiere
- Ausmaß der eigenen Bestandsergänzung

Außerdem liefert das Programmpaket die vollständige Populationsstruktur inkl. Altersstruktur der Muttertiere in den einzelnen Subsystemen (SAVICKY, 1993). Zur Anwendungsanleitung siehe SAVICKY (1994) oder SAVICKY & NITTER (1995).

Es muss erwähnt werden, dass für dieses Programm sehr detaillierte Eingabeinformationen in Zusammenhang mit einer hoch entwickelten Infrastruktur vorausgesetzt werden, die an marginalen Standorten oft nicht bekannt sind (VALLE ZARATE, 1995), nicht existieren oder stark variieren. Auch die Prämisse einheitlicher Standortbedingungen (SAVICKY, 1993) wird bereits durch variierende Futterqualität an Grenzstandorten verletzt, da schon allein diese beträchtliche Genotyp x Umwelt-Interaktionen bedingen kann (LEBAS, 1992). Für diese Standorte bietet sich ein Produktionsindex unter Berücksichtigung der absoluten oder metabolischen Körpermasse der Muttertiere als Vergleichskriterium an. Auf diese Weise wird dem Adaptationsvermögen hinsichtlich der Bedeutung der Körpergröße und den Kostenaufwendungen für die Erhaltung Rechnung getragen (HORST, 1994).

Das Ergebnis von Effizienzvergleichen in Form von Simulationen zeigt am Beispiel Schweineproduktion, dass das Endresultat sowohl von den beteiligten Rassen als auch von den Eigenschaften des Systems abhängt, d.h. es existiert kein bestes System (QUINTANA & ROBISON, 1984). Ferner spielt die Praktikabilität des Systems eine wichtige Rolle. Hierzu seien McLAREN et al. (1987b) zitiert:

„Possibly more important than which system is adopted is that the chosen plan is adhered to. Herd size, level of management and the relative complexity of different systems are therefore important considerations. The disease risk associated with importing breed stock onto the farm should also not be overlooked. To quote Bichard and Smith (1972, p.51): „It is vital that the disease risks involved should not outweigh the planned genetic advantages.“ In addition, performance tested breeding stock of acceptable genetic merit must be available for all breeds or crosses required by the commercial pork producer.“

### **2.2.3.2 Züchterische Stratifikation**

Die züchterische Stratifikation kann als eine Art Komplementarität zwischen verschiedenen Ras-

sen (oder Kreuzungen) und verschiedenen Umweltbedingungen, bzw. als Notwendigkeit, genetische Ressourcen mit Futter und anderen Produktionsressourcen zu synchronisieren (siehe GREGORY & CUNDIFF, 1980), definiert werden (SELLIER, 1982). Es handelt sich dabei um eine regional verteilte, züchtungs- und umweltmäßig koordinierte Intensitätsabstufung (HORST, 1994). Nicht die Nutzung von Heterosis steht im Vordergrund, sondern der Hauptzweck besteht in der Nutzung verschiedener Agrarlandschaften durch gut geeignete genetische Typen, wie das wohl bekannte Beispiel der „stratifizierten“ 3-Weg-Kreuzung beim Schaf in Großbritannien zeigt (SELLIER, 1982; BICHARD, 1974, zitiert nach SELLIER, 1982; HARING et al., 1984, zitiert nach LANGHOLZ, 1994). Beim Fleischrind in den bergigen und ariden Zonen von Südfrankreich und Italien wird ein stratifizierter Kreuzungszuchtplan als die optimale Lösung betrachtet (BIBE et al., 1976):

1. Extremste Umweltbedingungen: Widerstandsfähige Rasse in Reinzucht
2. Mittlere Umweltbedingungen: 1. Kreuzung: Widerstandsfähige Rasse x Fleischrasse
3. Beste Umweltbedingungen: 1. Kreuzung x Fleischrasse

Auch am tropischen Standort mit regionaler ökologischer Differenzierung erscheint eine Verbundproduktion in der Nutzung diskontinuierlicher Kreuzungen zweckmäßig, wobei die Produktionsstufe in ungünstigen Trockenweide-Standorten und die Hybrid-Endstufen-Produktion mehr in feuchten Ackerbaugebieten mit günstiger Nährstoffversorgung gelagert ist (HORST, 1994).

### 2.2.3.3 Selektion

Eine erfolgreiche Kreuzungszuchtstrategie muss nach ERICSON (1988) ein hohes Niveau an Heterosis sowie keinen bzw. nur einen geringfügigen Einfluss auf den möglichen genetischen Fortschritt einer Reinzuchtpopulation vereinen. Um dies zu ermöglichen, bedarf es einer Selektion nach Reinzuchtleistung und/oder Kreuzungsleistung.

#### *Selektion nach Reinzucht- und / oder Kreuzungsleistung*

WEI & VAN DER STEEN (1991) gliedern die relevanten Selektionsmethoden wie folgt:

- a) Reinzuchtselektion (RZS), die auf der Eigen- und / oder der Leistung von Verwandten innerhalb einer bestimmten Population basiert (LEGATES, 1988; SIEGEL, 1988). Hierzu gehören Massen-, Familien-, Indexselektion, Nachkommenprüfung, unabhängiges Merzen und die BLUP-Methode.
- b) Reziproke rekurrente Selektion (RRS) nach COMSTOCK et al. (1949), zitiert nach WEI & VAN DER STEEN (1991), bei der eine Selektion auf Kombinationseignung erfolgt. RRS ist eine Art Nachkommenprüfungssystem, und jede Selektionsrunde umfasst 2 Generationen (COMSTOCK et al., 1949; JULL, 1952, zitiert nach WEI & VAN DER STEEN, 1991).
- c) Modifizierte RRS-Methoden bzw. Kombinationen von RZS und RRS
  - *Halbgeschwister RRS (HG-RRS)*  
HG-RRS soll das Selektionsintervall verkürzen. Selektierte Reinzuchttiere erzeugen gleichzeitig die folgende Reinzucht- und Kreuzungsgeneration. Die Selektion basiert auf der Leistung der Kreuzungshalbgeschwister, wobei der Zyklus nur eine Generation umfasst.
  - *M-RRS*  
M-RRS basiert auf der mittleren Leistung von Reinzucht- und Kreuzungstieren, um sowohl Reinzucht- als auch Kreuzungsinformationen zu nutzen (siehe KREBIEL et al., 1971a,b und HETZER et al., 1977, zitiert nach WEI & VAN DER STEEN, 1991).



- *PC-RRS*

PC-RRS basiert auf Reinzucht- und Kreuzungsleistung in einer zweistufigen Selektion mit unabhängigen Merzungs-niveaus für Reinzucht- und Kreuzungsleistung. Der Selektion auf Kreuzungsleistung geht immer die Reinzuchtselektion voraus (BROWN & BELL, 1980; SCHNELL, 1961, zitiert nach WEI & VAN DER STEEN, 1991).

- *(Duale) Umwelt-RRS (U-RRS, DU-RRS)*

U-RRS basiert auf der mittleren Leistung von Reinzucht- und Kreuzungstieren unter adversen und unter optimalen Umweltbedingungen (OROZCO, 1974, zitiert nach WEI & VAN DER STEEN, 1991). Bei der DU-RRS werden die Nachkommen zweier Linien A und B jeweils in 2 verschiedenen Umwelten geprüft. Es wird erwartet, dass bei der DU-RRS mehr Gene von der Selektion beeinflusst werden, wenn verschiedene Gene in verschiedenen Umwelten wirksam sind (MORENO-GONZALEZ, 1986, zitiert nach WEI & VAN DER STEEN, 1991).

- *Kombinationsmethode 1*

RZS und RRS werden in aufeinanderfolgenden Perioden angewandt, so dass nicht-additive und additive Varianz genutzt werden können.

- *Kombinationsmethode 2*

RRS wird eingesetzt, um Merkmale, in denen vor allem nicht-additive Gene von Bedeutung sind, zu verbessern, und RZS zur Verbesserung von Merkmalen, in denen additive Gene vorherrschen.

Ausgehend von einem 2-Locus-Modell ist bei RZS und RRS bei gleicher Selektionsintensität und gleichem Generationsintervall ungefähr der gleiche genetische Fortschritt zu erwarten, wenn die Leistungsmerkmale vorwiegend von additiven oder Dominanzgenen bestimmt werden ( $0 \leq d \leq a$ ), wie SELLIER (1982) in seinem Review darstellt. Beide Selektionsmethoden führen zur Fixierung des günstigen Allels. Im Falle von Überdominanz ( $d > a$ ) ist RZS in der Regel erfolglos. Es kann erwartet werden, dass die Ausgangsgenfrequenz in beiden Populationen sich nahe einem überdominanten, intermediären Gleichgewicht befinden. Unter RRS ist mit einer divergierenden Genfrequenzänderung in den beiden Populationen (A und B) zu rechnen. Das Selektionslimit unter RRS ist dann erreicht, wenn die entsprechenden Allele in beiden Ausgangspopulationen fixiert sind, und alle AxB-Individuen den optimalen heterozygoten Genotyp haben (SELLIER, 1982). Eine wichtige Voraussetzung für den Erfolg des Verfahrens ist, dass die Ausgangslinien bereits unterschiedliche Genfrequenzen haben, weil sonst die Selektion für Kombinationseignung keine Differenzierung zwischen den Linien erreicht (FALCONER, 1984).

Das verlängerte Generationsintervall bei RRS und die geringere Selektionsintensität aufgrund Familienselektion im Vergleich zur RZS bei gleichen Kosten (z.B. SELLIER, 1982, SCHÖNMUTH et al., 1986), machen dieses Verfahren sehr aufwendig. Weiterhin muss der i.a. geringe und gelegentlich auch negative Selektionserfolg in Reinzuchtlinien innerhalb eines RRS-Programms erwähnt werden, auch bei positivem Selektionserfolg der Kreuzungstiere, der sich v.a. bei Großtieren sehr negativ auswirken kann (SELLIER, 1982).

WEI & VAN DER STEEN (1991), die in ihrem ausführlichen Review die RZS und RRS miteinander vergleichen, kommen zu folgenden Schlussfolgerungen:

„1. In comparison with PLS (RZS) with RRS, slightly more experiments favoured PLS; RRS was better than PLS when they were both designed as a progeny test.

2. PLS is better for using additive variance, RRS can exploit both additive and non-additive variance, and is more efficient for using non-additive variance.
3. RRS is suitable for long-term selection programmes. During the initial few generations of RRS, the response is usually slow. After a 'lag' period, the genetic gain will increase.
4. The effectiveness of RRS and PLS greatly depends on the amounts and kinds of genetic variance. The  $h^2$  and  $r_{pc}$  (genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung) are suitable parameters for evaluating the effectiveness of the 2 methods.
5. Almost all experiments showed that purebreds under RRS had poorer performance than under PLS. This can be explained on the basis that RRS uses less additive variance and/or RRS uses overdominant effects, and makes the lines diversify.
6. In an adverse environment, RRS is more efficient than PLS in achieving a selection response.
7. After long-term selection  $r_{pc}$  may change (usually decreases).
8. Modified RRS schemes have shown an advantage over RRS.
9. Current theory on RRS is based on an additive model, and is suitable only for short-term selection. RRS theory to deal with long-term selection has not yet been developed.
10. Information from both purebreds and crossbreds is important for improving crosses. Maximum selection response in crossbreds may be obtained only when proper weighting parameters are given to purebred and crossbred performance in a selection index designed to aim at the best hybrids.“

Die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung  $r_{pc}$  wird von verschiedenen Autoren (z.B. SHERIDAN, 1982; WEI & VAN DER WERF, 1994; VAN DER WERF et al., 1994; BRANDT, 1995) als das Entscheidungskriterium für die jeweilige Selektionsmethode betrachtet. Ebenso von Bedeutung ist nach VAN DER WERF et al. (1994) die Kreuzungszuchtheritabilität  $h_c^2$  im Vergleich zu der Reinzuchtheritabilität  $h_p^2$ . SERRANO & OROZCO (1992) weisen auf die reduzierte additive Varianz in verschiedenen Reinzuchtpopulationen hin, was eine Berücksichtigung von Kreuzungsleistung begünstigt. Ihrer Meinung nach ist RZS in der praktischen Tierzucht in der Regel ausreichend, obwohl dadurch die Kombinationseignung der Reinzuchtlinien nicht gefördert wird. Bei Kreuzungsprogrammen, die auf RZS basieren, sollte in regelmäßigen Abständen eine Evaluierung der Heterosis erfolgen. Wenn diese abnimmt, ist den Autoren zufolge eine Berücksichtigung der Kreuzungsleistung angeraten.

Nach den Untersuchung von VAN DER WERF et al. (1994) stellte sich eine kombinierte Methode (RZS und RRS) in den meisten Fällen als optimal heraus. Nur bei einer genetischen Korrelation ( $r_{pc}$ ) von über 0,8 erwies sich RZS als die bessere Methode. Je höher die Heritabilität von Kreuzungs- im Verhältnis zu den Reinzuchtpopulationen, desto mehr genetischer Fortschritt ist mit RRS und kombinierten Verfahren zu erwarten. Ebenso wie die Heterosis, sollte auch die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung  $r_{pc}$  in regelmäßigen Abständen neu geschätzt werden, da zu erwarten ist, dass sie sich im Verlauf der Selektion ändert (WEI et al., 1991).

Die gleichzeitige Berücksichtigung von Reinzucht- und Kreuzungsleistung kann z.B. in Form eines Mehrmerkmalansatzes nach KINGHORN & SWAN (1991) bzw. SWAN & KINGHORN (1992) durchgeführt werden. Dabei sollte darauf geachtet werden, dass Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen möglichst gleichzeitig geboren werden. Die optimale Gewichtung steht in Abhängigkeit von  $r_{pc}$  (BRANDT, 1995).

Eine umfassende Methodik, die außer Reinzucht- und Kreuzungsleistung noch verschiedene andere Aspekte berücksichtigt und in dieser Hinsicht Gewinnfunktion und Selektion vereinen, entwickelten KINGHORN & SHEPHARD (1990). Sie schlagen die Entwicklung einer Zielfunktion, die den ökonomischen Gewinn (oder die erwartete Nützlichkeit) als Funktion von Selektion und Allokation der Paarungspartner beschreibt. Die Allokation von Paarungspartnern als ein Schlüsselgebiet für die Kreuzungszucht, ist nach KINGHORN (1997) ebenso von Bedeutung für andere strukturierte Züchtungsdesigns und -fragen wie z.B. offene Nukleus-Schemata, Verbindung zwischen Herden, Vermeidung von Inzucht und korrektive Paarungen.

Bei den Hauptkomponenten der Zielfunktion kann zwischen einer additiven (z.B. additiver Zuchtwert, Preis eines Zuchttieres), fixen (z.B. Heterosis, Zuchttiertransportkosten) und freien Komponente (z.B. Verbindung zwischen den Herden und langfristige Inzucht) unterschieden werden (KINGHORN, 1997).

Ein Paarungspartnerselektionsalgorithmus ohne die Berücksichtigung der gegenseitigen Abhängigkeit von Paarungsentscheidungen wurde bereits von JANSEN & WILTON (1985), zitiert nach KINGHORN & SHEPHERD (1994), und KINGHORN (1987) entwickelt. KINGHORN & SHEPHERD (1994) schlagen daher einen Algorithmus vor, der diesen gegenseitigen Einfluss berücksichtigt. Aufgrund der inakzeptablen langen Rechenzeiten bei der Bildung der Zielfunktionen durch lineare Optimierung, wenn jede Paarungspartnerkombination berücksichtigt wird, schlägt KINGHORN (1997) eine Gruppenpaarungspartnerselektion (group mate selection) vor, wobei die Gruppeneinteilung (bis zu 200 Gruppen pro Geschlecht) durch eine Clusteranalyse erfolgt. Der Effizienzverlust dabei ist nur sehr geringfügig, die Einsparung an Rechenzeit jedoch erheblich.

In der kommerziellen Geflügelzucht werden inzwischen modifizierte RRS-Verfahren in Form eines Selektionsindex, der sowohl Reinzucht- als auch Kreuzungsleistung berücksichtigt, mit Erfolg eingesetzt. Dies führte zwar im Vergleich zur RRS z.T. zu erheblichen Heterosisverlusten (ca. 50% für Legerate), die aber durch die Verdopplung des Zuchtfortschritts in den Reinzuchtlinien mehr als kompensiert wurden (PREISINGER, 1996). Ein offenes Nukleus-Programm für die tropische Rinderzucht, das auf verschiedenen Kreuzungen bzw. Kreuzungsstufen von exotischen Hochleistungsrassen mit adaptierten Rassen beruht, wird von OSORIO (1994) vorgeschlagen.

### *Populationsgröße*

Bei einem Zuchtprogramm, das längerfristig angelegt ist, sollten bei der Selektion folgende Ziele mitberücksichtigt werden (GODDARD, 1987):

- Maximierung des Zuchtwertes der selektierten Tiere;
- Minimierung der Varianz des Selektionsfortschrittes (unter der Annahme, dass ein Risiko nicht erwünscht ist);
- Minimierung der Inzuchtdepression und
- Minimierung des Verlustes an genetischer Varianz durch Inzucht.

Zweifelloso hat die Wahl der Populationsgröße den weitreichendsten Einfluss auf diese Ziele (z.B. TORO & PEREZ ENCISO, 1990; AGGREY et al., 1995). Die Auswirkungen geringer Populationsgrößen auf einen kurzfristigen ( $\leq 5$  Generationen) Selektionserfolg bestehen in einer Verringerung der Selektionsdifferenz; Inzuchtdepression und Reduktion der genetischen Varianz durch genetische Drift. Sie können aber bei diesem Zeithorizont vernachlässigt werden (HILL, 1985). Allerdings kann jedoch die Messfehlervarianz eine nicht unbedeutende Rolle spielen (AGGREY et al., 1995). Bei längerfristig geplanten Zuchtprogrammen kommt der Populationsgröße vor

allein durch die im Verlauf der Generationen zu erwartende neue Varianzquelle, die Mutationsvarianz, eine wichtige Bedeutung zu (HILL, 1985). Langfristig betrachtet geben HILL (1986) zufolge Mutationen in hoch selektierten, wettbewerbsfähigen Populationen mehr Anlass zu Hoffnung als „Genressourcen“, was im Grunde genommen unselektierte Populationen sind. Als Beispiel hierzu können die Selektionserfolge bei Mäusen nach einer scheinbar erreichten Selektionsgrenze (ROBERTS, 1966b, zitiert nach FALCONER 1984), die auf Mutation oder Rekombination zurückzuführen sind (FALCONER, 1984), genannt werden. Eine Erklärung für dieses Phänomen könnte die von PANDEY (1972) aufgestellte Theorie über die Regulierung der genetischen Rekombination in höheren Organismen, abgeleitet aus den Untersuchungen an *Neurospora* und *Schizophyllum* (CATCHESIDE, 1982) liefern.

NICHOLAS (1991) gibt wichtige Richtlinien für längerfristig angelegte Zuchtprogramme, die durch die effektive Populationsgröße bestimmt werden:

- Der Variationskoeffizient CV des Selektionserfolgs R sollte nicht höher als 5-10% nach 10 Jahren sein.

$$CV(R) = (2L)^{1/2} / [G(N_e t)^{1/2}]$$

L: Durchschnittliches Generationsintervall

G: Mittel des Produktes aus Selektionsintensität und Selektionsgenauigkeit pro Pfad

$N_e$ : effektive Populationsgröße

t: Anzahl Jahre über die das Programm ausgewertet werden soll

Dieser Variationskoeffizient kann auch als Verhältnis der Standardabweichung des Selektionserfolgs  $SD(R_t)$  zum erwarteten Selektionserfolg  $E(R_t)$  beschrieben werden (AGGREY et al., 1995):

$$CV(R_t) = SD(R_t)/E(R_t)$$

- Die jährliche durchschnittliche Inzuchtrate  $\Delta F$  sollte 0,5% nicht überschreiten.

$$\Delta F = 1/(2N_e L)$$

Da bei dieser Standardformel von WRIGHT (1931), zitiert nach NICHOLAS (1991), Zufallspaarung vorausgesetzt wird, wird die Inzuchtrate aufgrund der Tendenz der gerichteten Selektion, nur die besten Familien auszuwählen, unterschätzt (NICHOLAS, 1991).

MEUWISSEN & WOOLLIAMS (1994a) betrachten die kritische Populationsgröße als Funktion der Fitness einer Population:

$$N_e = D/2s_{wa}^2$$

D: Inzuchtdepression von Fitness bei vollständiger Inzucht

$s_{wa}^2$ : Additiv genetische Varianz von Fitness

Wenn D gleich 1 ist, geht die Fitness bei einer Inzucht von nahezu 1 gegen Null. In der Regel liegen die D-Werte von Hauptkomponenten der Fitness zwischen 0,5 und 1% Inzuchtdepression pro Prozent Inzuchtzuwachs (FALCONER, 1981, WOODARD et al., 1982, MacNEIL et al., 1989, WIENER et al., 1992c, zitiert nach MEUWISSEN & WOOLLIAMS, 1994a). Da die Gesamtfitness das Produkt ihrer Komponenten ist, ist auch die Inzuchtdepression der Gesamtfitness größer als die ihrer Komponenten. Wenn einige Fitnesskomponenten vernachlässigt werden, wird D unterschätzt.

$$s_{wa}^2 = \sum_j CV_j^2 h_j^2 + \sum_j \sum_{ij} r_{ija} h_i h_j CV_j CV_i$$

$CV_j(h^2)$ : Variationskoeffizient der Heritabilität der j-ten Fitnesskomponente

$r_{ija}$ : additiv genetische Korrelation zwischen der i-ten und j-ten Komponente

Zusätzlich zur Einhaltung der kritischen Populationsgröße sollte eine negative Korrelation zwischen Fitness und dem Selektionsindex für Produktionsleistung verhindert werden (MEUWISSEN & WOOLLIAMS, 1994a).

Bezüglich der Selektionsmethode scheint eine empirisch beschränkte Selektion, bei der die selektierten Tiere die höchsten Zuchtwerte für Produktionsmerkmale haben und im Durchschnitt die gleichen Zuchtwerte in Reproduktionsmerkmalen wie die Basispopulation, einer beschränkten Index-Selektion (Merzen bei geringer Reproduktionsleistung) überlegen zu sein (höchster Selektionserfolg in Reproduktions- und Produktionsmerkmalen; falls pleiotrope Dominanzeffekte von Bedeutung sein sollten, kann der Selektionserfolg in Produktionsmerkmalen reduziert sein (MEUWISSEN et al., 1995).

#### *Maximierung des genetischen Fortschritts bei gegebener Inzuchtrate*

Die Beste Lineare Unverzerrte Prediktion (BLUP) ist allgemein als optimale Methode zur genetischen Evaluierung anerkannt. Wenn alle Informationen über Verwandte genutzt werden, wird eine höhere Genauigkeit in der Zuchtwertschätzung erreicht. Jedoch kann diese Einbeziehung der Verwandtschaftsinformation zu höheren Inzuchtraten führen, aufgrund der höheren Wahrscheinlichkeit, verwandte Tiere zu selektieren (ROBERTSON, 1961, zitiert nach VILLANUEVA et al., 1994). Weitere unerwünschte Folgen sind zum einen die Diskrepanz zwischen theoretischem und tatsächlichem genetischen Fortschritt, die mit der Komplexität des Familienindex steigt, weil die zunehmend korrelierte Struktur der Indexwerte einen unter der Erwartung liegenden Fortschritt verursacht. Zum anderen erhöht sich der Rückgang in der genetischen Varianz aufgrund der Erzeugung eines Kopplungsungleichgewichts („Bulmer-Effekt“, BULMER, 1971) mit zunehmender Selektionsgenauigkeit (TORO et al., 1988b und DEMPFLER, 1988, zitiert nach TORO & PEREZ-ENCISO, 1990).

Verschiedene Ansätze wurden inzwischen entwickelt, um den genetischen Fortschritt bei gegebener Inzuchtrate zu maximieren. Hierzu gehören u.a.:

#### Zufallspaarung

- Einsetzen überhöhter Heritabilitäten, da dadurch die Gewichtung der Information von Verwandten geringer wird (z.B. TORO & PEREZ-ENCISO, 1990; GRUNDY, 1994; GRUNDY et al., 1994; VILLANUEVA et al., 1994)
- Begrenzte Nutzung selektierter Eltern (GODDARD, 1987; VILLANUEVA et al., 1994)
- Restriktion der Anzahl selektierter Kandidaten innerhalb Familie und von Familien (WEI, 1995, zitiert nach CABALLERO et al., 1996)
- Direkte Reduktion der Gewichtung von Familienmittelwerten in der Index-Selektion (DEMPFLER, 1975; TORO & PEREZ-ENCISO, 1990; VERRIER et al., 1993; VILLANUEVA et al., 1994)
- Berücksichtigung der Verwandtschaftsbeziehungen zu anderen selektierten Kandidaten im Zuchtwert (WRAY & GODDARD, 1994; BRISBANE & GIBSON, 1995a,b;)
- Berücksichtigung der Verwandtschaftsbeziehungen der Vorfahren (WOOLLIAMS & THOMPSON, 1994);
- Kontrolle der Inzuchtrate der Nachkommen (MEUWISSEN, 1997)

#### Nicht Zufallspaarung

- Faktorielle Paarungssysteme (WOOLLIAMS, 1989; ENGSTRÖM et al., 1996)

- Paarungen mit minimaler Verwandtschaftsbeziehungen durch lineare Programmierung (TORO et al., 1988b, zitiert nach CABALLERO et al., 1996; CABALLERO et al., 1996)
- Kompensatorische Paarungen (GRUNDY et al., 1994; SANTIAGO & CABALLERO, 1995, zitiert nach CABALLERO et al., 1996)
- Zyklische Paarungssysteme bei Gruppenpaarungen (POILEY, 1960; FALCONER, 1967; RAPP, 1972; COCKERHAM, 1970; zitiert nach NOMURA & YONEZAWA, 1996; NOMURA & YONEZAWA, 1996)

Eine Kombination zwischen verschiedenen Methoden (z.B. verzerrte Heritabilität und kompensatorische oder faktorielle Paarung) ist möglich und kann zu einem erhöhten Zuchtfortschritt beitragen (z.B. GRUNDY et al., 1994). Nach QUINTON & SMITH (1995), die verschiedene dieser hier aufgeführten Methoden miteinander vergleichen, gibt es keine universelle beste Methode. Das beste System hängt den Autoren zufolge von den spezifischen Faktoren wie z.B. Populationsgröße, Heritabilität, tolerierte Inzuchtrate, Anzahl Generationen, Familiengröße, überlappende Generationen, u.a. ab. Sie halten den „Optimismus“ bezüglich der Verzerrung von Heritabilitätswerten oder der Korrektur des Zuchtwertes durch die Verwandtschaftsbeziehungen zu anderen selektierten Kandidaten als nicht gerechtfertigt. Dasselbe Ergebnis könne auch einfach durch eine höhere Anzahl selektierter Vatertiere erreicht werden.

Auch wenn es keine universell bestes System gibt, so existiert doch eine gemeinsame „Selektionserfolg - Inzucht Front“, die durch diese verschiedenen Methoden erreicht werden kann. Es ist darauf zu achten, dass nicht nur die Inzuchtrate auf einem gleichen Niveau gehalten wird, sondern auch die Variation des Selektionserfolgs als Risikofaktor (QUINTON & SMITH, 1995). Eine einfache Beziehung zwischen der Varianz des genetischen Fortschrittes und der Inzuchtrate wurde von MEUWISSEN & WOOLLIAMS (1994b) beschrieben, die als Entscheidungshilfe dienen kann.

Im Verlauf der Selektion ist außerdem eine Überprüfung der genetischen Parameter (genetische Korrelationen) anzuraten, da die Richtung der Frequenzänderung günstiger Allele bei Index-Selektion nicht unbedingt für alle Loci positiv sein muss (McMILLAN et al., 1995; QUINTON & McMILLAN, 1996). Diese sollten in jeder Generation neu geschätzt werden, bei linearen Indices ebenso die ökonomischen Gewichte (MEUWISSEN & GODDARD, 1997).

## **2.3 Übersicht über die Leistungsdaten und genetischen Parameter in Rein- und Kreuzungszucht beim Meerschweinchen**

Das Hausmeerschweinchen, dessen Domestizierung höchstwahrscheinlich im Andenhochland, insbesondere am Titicacabecken, vollzogen wurde (HÜCKINGHAUS, 1961) ist inzwischen in allen Klimazonen der Andenländer und auf allen Kontinenten verbreitet. Die Spanier fanden bei ihrer Ankunft in Peru Meerschweinchen mit „extrem künstlichen“ Farben und Abzeichen vor, die von der Wildform sehr verschieden sind (CUMBERLAND, 1886, zitiert nach WAGNER, 1976). Noch im 16. Jahrhundert gelangten die ersten Meerschweinchen nach Europa und in viele Orte des damaligen Kolonialreichs (u.a. Westafrika) als Haus- und Hobbytiere aber auch als Fleischlieferanten; in die USA wurden sie wahrscheinlich Anfang des 17. Jahrhundert von Europa aus eingeführt (WAGNER, 1976). Erst zu Beginn des 20. Jahrhunderts, ca. 300 Jahre nach seiner Einführung, wurde das Meerschweinchen für die Forschung entdeckt.

Die Jahrtausende zurückreichende Zeit der Meerschweinchenhaltung unter den unterschiedlichsten Umwelt-, Haltungs- und Selektionsbedingungen hat notwendigerweise eine phänotypische und genetische Vielfalt des Hausmeerschweinchens zur Folge. In Lateinamerika differenziert man im großen und ganzen lediglich zwischen „nativen“ (criollo) und peruanischen bzw. „verbesserten“ (mejorado) Meerschweinchen, wobei die Körpergröße das Unterscheidungsmerkmal ist. Hierbei sei ausdrücklich erwähnt, dass die Bezeichnung „Peruanisches Meerschweinchen“ hier nicht für die Angora-Meerschweinchen in der Hobbytierzucht (z.B. SCHMIDT, 1992) steht. Während die kleineren, nativen seit präinkaischen Zeiten überall in den Andenstaaten verbreitet sind, wurden die um ca. 40 bis 60% schwereren peruanischen Meerschweinchen in den 60er Jahren aus einer Kreuzung zwischen drei Ökotypen (Cajamarca, Arequipa und Langhaarmeerschweinchen) und mehr als 15 Generationen Selektion entwickelt (QUIJANDRIA, 1988), in verschiedene Richtungen weitergezüchtet und in alle Meerschweinchen produzierende Andenländer exportiert.

Die Bezeichnung „native Meerschweinchen“ stellt folglich ein Sammelbegriff für die verschiedensten Ökotypen von Meerschweinchen dar, die eine beträchtlichen Variabilität in quantitativen und qualitativen Merkmalen aufweisen (z.B. VALLE ZARATE, 1996, CAHILL 1990). Wenn auch in geringerem Maße, bedingt durch die jüngere Zuchtgeschichte und die Haltung unter relativ kontrollierten Bedingungen, so ist auch bei den peruanischen Meerschweinchen mit einer nicht zu unterschätzenden Variabilität zu rechnen.

Eine besondere Problematik bei der Beschreibung verschiedener Linien oder Genotypen ergibt sich aus der ausgesprochenen Abhängigkeit von den Haltungsbedingungen, wobei die Fütterung an erster Stelle steht. Auch muss mit bedeutenden Genotyp x Umweltinteraktionen gerechnet werden (z.B. SABA, 1993). Ein Vergleich verschiedener Genotypen unter unterschiedlichen Haltungsbedingungen wäre daher irreführend.

### **2.3.1 Reproduktionsleistung**

Als allgemeiner Maßstab für die Reproduktionsleistung gilt in der Meerschweinchenzucht die Anzahl aufgezogener Nachkommen pro (angepaartem) Muttertier und Zeiteinheit (Jahr: z.B. WRIGHT, 1960; VALLE ZARATE, 1995; Halbjahr: z.B. LIZECA, 1997; 4 Wochen oder Monat: Kolonieindex (HANSEN & McELENEY, 1971) oder Produktivitätsindex (z.B. CHAUCA, 1993c); Woche: z.B. EVELEIGH, 1980). Sie wird nach HANSEN & McELENEY (1971) im wesentlichen durch die Wurf Frequenz bestimmt und unterliegt in hohem Maße umweltbedingten Einflüssen wie Jahr-Saison-Effekten auch unter kontrollierten Haltungsbedingungen (z.B. WRIGHT, 1960; HANSEN & McELENEY, 1971). Im folgenden sollen die einzelnen Komponenten der Reproduktionsleistung näher dargestellt werden, siehe hierzu auch die Übersichtsta-

belle 2.9.

### 2.3.1.1 Frühreife

Aufgrund der seit Jahrhunderten praktizierten, traditionellen Koloniehaltung der Meerschweinchen, bei der die weiblichen Nachkommen bereits bei Eintreten des ersten Östrus von den ranghöchsten Männchen gedeckt werden, fand beim Hausmeerschweinchen eine natürliche Selektion auf Frühreife statt. Die erste Konzeption kann bereits vor der Entwöhnung erfolgen, die im Durchschnitt nach 23 Tagen abgeschlossen ist. Das Körpergewicht der Weibchen beträgt zu diesem Zeitpunkt zwischen 20 und 35% des adulten Körpergewichtes (RAFFEL, 1992, zitiert nach RAFFEL, 1997). Eine besondere Energieallokationsstrategie ermöglicht es diesen Tieren bei ausreichender Fütterung sowohl Wurfgröße und -gewicht als auch das eigene Wachstum (Proteinansatz) in optimalem Maße aufrechtzuerhalten (RAFFEL et al., 1996). Dies gilt auch mit gewisser Einschränkung für Haltungsbedingungen unter Kältestress bei 5 °C (RAFFEL, 1997).

**Tab. 2.5: Literaturangaben zum Alter von Meerschweinchen beim Einsetzen des 1. Östrus.** *Table 2.5: Literature review: Age at first oestrus in guinea pigs*

Autor	Genotyp	n	Alter in Tagen			Gewicht in g		
			Spannw.	$\bar{x}$	SD	Spannw.	$\bar{x}$	SD
YOUNG et al. (1939) zitiert nach SISK (1976)	Labortiere	625	33-134	67.8	21.5			
	Labortiere	625	33-111 <sup>5)</sup>	58.2 <sup>5)</sup>				
KÖNIG (1985) zitiert nach RAFFEL (1997)			17-40					
ONISHI et al. (1986) zitiert nach FIEDLER (1992)	Labortiere		55-70					
VEKASY (1988) zitiert nach FIEDLER (1992)	Labortiere		49-63			316-347		
ORELLANA (1992)	BB <sup>1)</sup>	36	18-45	30	5.5	134-385	284	54.4
	PP <sup>2)</sup>	12	21-40	28	4.6	301-553	384	77.9
MIRANDA (1993)	BB	8		22 <sup>a</sup>				
	RKB, RKB <sup>3)</sup>	32		20 <sup>b</sup>				
	F1 (BP, PB) <sup>4)</sup>	48		21 <sup>b</sup>				
	RKP, RKP <sup>3)</sup>	32		20 <sup>b</sup>				
	PP	8		18 <sup>c</sup>				

<sup>1)</sup> Bolivianisches Landmeerschweinchen, <sup>2)</sup> Peruanische Linie, <sup>3)</sup> Reziproke Rückkreuzungen, <sup>4)</sup> Reziproke F1

<sup>5)</sup> Alter bei 1. Ruptur der Vaginalmembran

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant (p < 0.05)

Die Ovulation beim Meerschweinchen ist spontan mit einem Brunstzyklus von durchschnittlich 16 bis 18 Tagen (z.B. ORELLANA, 1992; FIEDLER, 1992). Als Maß für die Frühreife wird zum Teil das Alter oder Gewicht beim Eintreten des ersten oder des ersten regelmäßigen Brunstzyklus bestimmt (Tab. 2.5 und 2.6). Die Spannweite ist dabei beträchtlich und reicht beim Alter des 1. Östrus von 17 (KÖNIG, 1985, zitiert nach RAFFEL, 1997) bis 134 Tagen (YOUNG et al., 1939, zitiert nach SISK, 1976). Auch gibt es Anzeichen auf signifikante Differenzen zwischen Genotypen, wobei erstaunlicherweise die schwereren Peruanischen Meerschweinchen nach diesem Kriterium frühreifer sind als die kleineren nativen Meerschweinchen (ORELLANA, 1992; MIRANDA, 1993). Die Regularisierung des Brunstzyklus beginnt bei den untersuchten Tieren im Alter von knapp 2 Monaten ab dem 3. Östrus (ORELLANA, 1992).



**Tab.2.6: Literaturangaben zum Alter von Meerschweinchen bei der Regularisierung des Brunstzyklus. Table 2.6: Literature review: Age at regularization of the oestrus cycle in guinea pigs**

Autor	Genotyp	n	Alter in Tagen			Gewicht in g		
			Spannw.	$\bar{x}$	SD	Spannw.	$\bar{x}$	SD
ORELLANA (1992)	BB <sup>1)</sup>	36	50 - ≥106	73	15	297-503	410	79.5
	PP <sup>2)</sup>	12	58 - ≥106	71	9.7	452-760	656	108.9
GALINDO (1994)	Rot1P <sup>3)</sup>	15		64 <sup>a</sup>				
	F3 <sup>4)</sup>	15		68 <sup>b</sup>				
	Rot1B <sup>5)</sup>	15		64 <sup>a</sup>				

<sup>1)</sup> Bolivianisches Landmeerschweinchen, <sup>2)</sup> Peruanische Linie, <sup>3)</sup> PP x Rückkreuzung B, <sup>4)</sup> F3 (50%BB, 50%PP),

<sup>5)</sup> BB x Rückkreuzung P

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

Bei nicht standardisierten Umweltbedingungen in der Versuchstierhaltung wurden starke Schwankungen in der Zykluslänge innerhalb der Tiere beobachtet (FIEDLER, 1992), was das Kriterium „Regelmäßigkeit des Brunstzyklus“ für Meerschweinchen als landwirtschaftliche Nutztiere, die weit stärkeren variierenden Umwelteinflüssen ausgesetzt sind, in Frage stellt.

Beobachtungen von VALLE ZARATE (1996) sowie eigene weisen darauf hin, daß der Brunstzyklus oft erst durch den direkten Kontakt zum Bock induziert wird. In den eigenen Untersuchungen konnten je nach Umweltbedingungen und Genotyp nur bei 23 bis 89% der Weibchen bis zum Alter von 84 Tagen Östrusmerkmale (Ruptur der Vaginalmembran, Rotfärbung der Vulva) festgestellt werden, wobei die Wurfrate beim 1. Wurf nie unter 93% lag. Auch beim Argentinischen Wildmeerschweinchen *Galea musteloides* konnte ein entsprechendes Phänomen beobachtet werden: Bei nach Geschlechtern getrennte Haltung wiesen nur 6 von 38 Tieren eine spontane Östrusperiode auf; die Zusetzung eines Bockes induzierte bei 78% der Weibchen den Östrus innerhalb von 1 bis 5 Tagen, beim Rest nach 6 bis über 20 Tagen (WEIR, 1971). Die Autorin schließt aus dieser kurzen Periode zwischen dem Zusetzen des Bockes und dem Einsetzen des Östrus, daß die Präsenz des Bockes sogar den inherenten Rhythmus der Weibchen überlagern kann.

Praktische Untersuchungen zur Frühanpaarung von Meerschweinchen liegen nur wenige vor. Untersuchungen an nativen Meerschweinchen (Bolivianisches Landmeerschweinchen) zeigen, dass die Tiere bereits im Alter von 34 Tagen (Gewicht: 282 g) ohne negative Folgen auf die eigene Entwicklung und der der Nachkommen angepaart werden können (PICOLOMINY, 1995). WRIGHT (1922a) schreibt:

„Females occasionally are sufficiently mature at 33 days to bear litters sired by their own sire at about 100 days of age. They do not appear to suffer ill effects, and as the male do not become mature until over 2 months of age, the system of breeding followed is not believed to be injurious to the animals to an appreciable extent.“

Nach den Untersuchungen von CICOONA et al. (1994) werden ingezüchtete Weibchen deutlich später trächtig (1. Wurf im Alter von 125 Tagen, S.E.: 3.0) als ausgezüchtete (1. Wurf im Alter von 116 Tagen, S.E. 2.9). Frühangepaarte Weibchen erleiden bei dieser Untersuchung keinerlei Nachteil gegenüber Tieren, die ab einem Gewicht von 400 g angepaart und erst nach der Laktationsperiode erneut gedeckt werden. WRIGHT (1922b) beobachtet bei Kreuzungsweibchen, die mit Inzuchtböcken angepaart wurden, ein deutlich niedrigeres Alter beim 1. Wurf als im Durchschnitt der Inzuchtlinien.

MILLS & REED (1971) schließen auf Grund des deutlich niedrigeren Variationskoeffizienten beim Körpergewicht bei der ersten Vaginalöffnung (8.0) im Vergleich zum Alter (24.8), dass das Körpergewicht ein zuverlässigerer Parameter ist, wobei eine enge Beziehung zwischen Gewicht und Alter beim 1. Östrus ( $r = 0.79$ ) besteht. Die Autoren nehmen an, daß hypothalamische Zentren Körpergewicht und Pubertät kontrollieren. ZALDIVAR (1986) kommt zu keinen konsistenten Ergebnissen beim Vergleich der Reproduktionsleistung von peruanischen Zuchttieren in verschiedenen Altersstufen. Er empfiehlt, die Tiere ab einem Gewicht von 542 g anzupaaren. Auch die Untersuchungen von SOCUALAYA (1974) weisen zwar darauf hin, dass eher das Gewicht denn das Alter bei der Anpaarung von Bedeutung ist. MONCAYO (1997), der eine kommerzielle Zucht mit Peruanischen Meerschweinchen betreibt, gibt die Empfehlung, die weiblichen Zuchttiere erst ab einem Gewicht von 800 g anzupaaren, das bereits im Alter von 7 Wochen erreicht werden kann.

Die Geschlechtsreife bei den männlichen Tieren ist in der Regel im Alter von 2 bis 3 Monaten erreicht (WRIGHT, 1922a, ALBA, 1990). Wie auch bei den Weibchen wird die Geschlechtsreife durch Inzucht verzögert (WRIGHT, 1922b).

### 2.3.1.2 Ovulationsrate und embryonale Entwicklung

Die Ovulationsrate bzw. die Anzahl Gelbkörper bestimmt die obere Grenze der Wurfgröße. Die wenigen Literaturangaben, die dazu vorliegen, weisen auf eine nicht geringe Variabilität zwischen und innerhalb verschiedenen Herkünften hin (Tab.2.7). Bei den Auszuchtieren von ZIMMERMANN (1973) reicht die Anzahl Gelbkörper von 1 bis 10 und liegt im Durchschnitt bei 4,8. Sie liegt damit deutlich höher als die durchschnittliche Wurfgröße von 3,1 (1 bis 7), was einen Verlust von ca. 35% bedeutet.

**Tab.2.7: Literaturangaben zur Ovulationsrate von Meerschweinchen. Table 2.7: Literature review: Ovulation rate in guinea pigs**

Autor	Genotyp	n	Ovulationsrate		
			Spannw.	$\bar{x}$	SE
ZIMMERMANN (1973)	Auszucht Freiburg	134	1-10	4.8	
HOAR & KING (1967) zitiert nach ZIMMERMANN (1973)				3.1	
HERMRECK & GREENWALD (1964) zitiert nach SISK (1976)				3.43	0.41
YOUNG et al. (1938) zitiert nach SISK (1976)				3.48 <sup>1)</sup> 2.63 <sup>2)</sup>	

<sup>1)</sup> Tiere mit ausgeprägten Brunstverhalten <sup>2)</sup>Tiere mit schwachem Brunstverhalten

In der Untersuchung von ZIMMERMANN (1973) kamen ca. 8,5% aller ovulierten Eier nicht zur Implantation und etwa 6,5% der zur Implantation gelangten Feten starben bis zum 45. Tag ab oder wurden anomal. Trächtigkeiten von 5 und mehr Feten verliefen selten normal. Die Anzahl Feten wurde dabei in utero reduziert. Auch nahm mit steigender Ovulationsrate die Anzahl der nicht nidierten Keime zu. In der zweiten Hälfte der Trächtigkeit musste dem Autor zufolge die fetale Mortalität noch höher sein; die perinatale Verlustrate lagen bei seinen Untersuchungen bei ca. 10%. PEAKER & TAYLOR (1996) beobachteten eine intrauterine Reduktion von Föten zwischen dem 35. (Wurfgröße: 3.8; S.E.: 0.16) und 63. Trächtigkeitstag (Wurfgröße 3.2; S.E.: 0.16) von ca. 16%, wobei vor allem die Wurfgrößen 4 und 5 (um ca. 30%) reduziert wurden. In den Untersuchungen von SCHMITTER (1989) erwies sich die Phase zwischen dem 20. und 23. Trächtigkeitstag als empfindlichstes Entwicklungsstadium.

Die fötale Resorption könnte, v.a. unter Stressbedingungen, mit einer Verschiebung des Ge-

schlechterverhältnisses verbunden sein. PEAKER & TAYLOR (1996) konnten bei einzeln gehaltenen Weibchen feststellen, dass in kleineren Würfen (Einzel- und Zweierwürfe) vorwiegend männliche Tiere geboren werden, in größeren (Wurfgrößen ab 4) ist das Geschlechterverhältnis zugunsten der Weibchen verschoben. Das Geschlechterverhältnis insgesamt ist jedoch ausgewogen. Die Autoren erklären sich dieses Phänomen dadurch, dass grössere Würfe mit männlichen Nachkommen auf die Wurfgrösse auf 1 oder 2 reduziert werden, die der Würfe mit weiblichen Nachkommen werden nicht oder in geringerem Maße reduziert. Männliche Jungtiere, die in kleinen Würfen geboren werden, könnten einen selektiven Vorteil haben auf Grund des höheren Körpergewichtes bei der Geburt und der höheren Wachstumsrate während der Laktationsperiode.

Von anderen Autoren wird über eine Verschiebung des Geschlechterverhältnisses insgesamt berichtet. So wurde unter normalen Haltungsbedingungen (20 °C Umgebungstemperatur, ad libitum Fütterung) ein Überschuss an Männchen in den Würfen primiparer Weibchen beobachtet (RAFFEL, 1992, WAGER, 1996, GLASER 1996, zitiert nach RAFFEL 1997; RAFFEL 1997). Unter Kältestress wurde ein zu weiblichen Jungtieren verschobenes Geschlechterverhältnis festgestellt (RAFFEL, 1997). Die Autorin führt zur Erklärung der unterschiedlichen Investition in die Geschlechter bzw. eine Manipulation des Geschlechterverhältnisses durch die Kondition der Mutter die Trivers-Williard-Hypothese (TRIVERS & WILLIARD, 1973, zitiert nach RAFFEL (1997) auf:

„Weibchen in schlechter Kondition sollten weniger in das Geschlecht investieren, deren Produktion mit höheren Kosten verbunden ist. Dabei müssen folgende Bedingungen erfüllt sein: 1) Die Kondition der Jungtiere ist von der mütterlichen Kondition abhängig. 2) Der Unterschied in der Kondition der Jungtiere wird bis ins Adultalter beibehalten. 3) Die zusätzliche Investition der Mutter wirkt sich in stärkerem Maße auf den Fortpflanzungserfolg des „teureren“ Geschlechtes aus.“

In den langjährigen Untersuchungen von WRIGHT (1922a,b) war das Geschlechterverhältnis insgesamt ausgeglichen. Jahreszeitlich bedingte Verschiebungen konnten nicht nachgewiesen werden.

Ein Abbruch der Trächtigkeit durch Abort wird in der Regel durch Stressfaktoren wie z.B. plötzliche Futterrestriktionen (EDWARDS, 1966), brusker Umgang, hohe Besatzdichte, hohe Temperaturen, unzureichende Fütterung, giftige Futtermittel (MONCAYO, 1992, 1997) u.a. hervorgerufen. Nach den Untersuchungen von GOY et al. (1959) gibt es signifikante Unterschiede zwischen Linien in der Häufigkeit der Aborte (Heterogene Linie: 8,3%; Inzuchtlinie: 21,2%), wobei in beiden Linien ca. ein Drittel der Aborte im zweiten Drittel der Trächtigkeit erfolgte und zwei Drittel im letzten Drittel der Trächtigkeit. Eine Abhängigkeit zwischen Abortinzidenz und Wurfgröße konnte nicht festgestellt werden.

Oft ist es schwierig, zwischen Spätaborten und Totgeburten zu unterscheiden. GOY et al. (1959) schlagen als kritische Grenze 3 Standardabweichungen von der regulären Trächtigkeitsdauer vor. Es sind genetische Unterschiede zwischen Linien festzustellen (siehe Tab.2.8). Um zwischen tot geborenen und kurz nach der Geburt gestorbenen Jungtiere zu unterscheiden, kann das Lungengewebe auf Ventilation untersucht werden (z.B. EVELEIGH et al., 1987). Die wichtigste Variationsursache für die Trächtigkeitsdauer scheint die Wurfgröße zu sein (WRIGHT, 1922a). Diese verkürzt sich mit zunehmender Wurfgröße (Tab.2.8), wobei WRIGHT (1922a) in seinen Untersuchungen eine Korrelation von  $r=-0.457\pm 0.015$  berechnet. Auch ungünstige Bedingungen können die Trächtigkeitsdauer leicht verkürzen (WRIGHT, 1922a).

**Tab.2.8: Trächtigkeitsdauer zweier Meerschweinchenlinien in Abhängigkeit von der Wurfgröße. Table 2.8: Gestation length of two guinea lines by litter size**

Wurfgröße		1	2	3	4	5	6
Genetisch	n	37	216	427	276	63	8
Heterogene	$\bar{x}$	70.5	69.5	68.8	68.2	67.4	66.8
Linie	SD	1.1	1.4	1.6	1.6	1.7	1.5
Line 13	n	15	42	73	70	36	3
(Inzuchtlinie)	$\bar{x}$	69.9	69.7	68.5	67.6	66.5	65.3
	SD	1.1	1.4	1.6	1.6	1.7	1.5

Quelle: Goy et al. (1959)

Für die im folgenden beschriebenen Merkmale bestehen Übersichtstabellen über die in der Literatur gefundenen Ergebnisse im Anschluss an die Ausführungen (Tab.2.9 bis Tab.2.13). Aufgrund der unterschiedlichen Umwelt- und Haltungsbedingungen (Fütterung, Jahr-Saison-Effekte, Besatzdichte, u.a.), die einen großen Einfluss auf die Reproduktions- und Produktionsleistung haben kann (z.B. WRIGHT 1922b), repräsentiert jede aufgeführte Arbeit die Leistung der Tiere in einer bestimmten Umwelt, die sich in der Regel nicht verallgemeinern lässt. Der Schwerpunkt dieser Übersicht liegt auf dem Vergleich zwischen nativen und peruanischen Meerschweinchen und deren Kreuzungen im allgemeinen, sowie auf dem Vergleich zwischen definierten Linien. Allein die Reproduktionsleistung des Pirbright-Dunkin-Hartley Meerschweinchen wird ohne Vergleich zu anderen Genotypen beschrieben, da seine überragende Wurfgröße unbedingt nennenswert erscheint.

### 2.3.1.3 Muttergewicht

Beim Muttergewicht ist festzustellen, dass es deutliche Unterschiede im Adultgewicht zwischen Meerschweinchenherkünften gibt, was insbesondere im Vergleich zwischen der bolivianischen Basispopulation, bei der es sich um Kreuzungstiere handelt, mit der peruanischen zum Ausdruck kommt (VALLE ZARATE et al., 1994). Der Unterschied liegt bei ca. 45%. Auch zwischen nativen Herkünften gibt es eine beträchtliche Spanne (550 - 790 g) im Adultgewicht der Mütter, die teils durch Linienunterschiede teils durch Inzucht bedingt sein dürften.

Die Untersuchung von WRIGHT (1922b) zeigt deutlich, dass Inzucht sich nachhaltig negativ auf Wachstum auswirkt. Ingezüchtete Mütter (657 g) wiegen deutlich weniger als die Kontrolltiere (700 g). Jedoch genügt eine Generation Kreuzung zwischen Inzuchtfamilien (C0), um wieder das Normalgewicht (726 g) zu erreichen. Erneute Inzucht (C2: 667 g) bewirkt den Verlust von ca. der Hälfte der gewonnenen Heterosis (Tab.2.9).

Die Kreuzung von nicht ingezüchteten Linien, aber mit großen Populationsdifferenzen in den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) zeigt keine Heterosiseffekte im Adultgewicht der Mütter. Direkte Linienunterschiede ( $g_i$ ) sind bei allen untersuchten Würfen signifikant, additive maternale Effekte ( $g_m$ ) können vereinzelt von Bedeutung sein.

### 2.3.1.4 Wurfrate

Zur Wurfrate liegen nur wenige Arbeiten vor. Unter kontrollierten Verhältnissen liegt sie über 90% sowohl bei den verschiedenen Herkunftsnativen bolivianischer Meerschweinchen VALLE ZARATE (1996), der daraus gebildeten synthetischen Linie als auch der peruanischen Linie. Die Ergebnisse von MARINO (1981), zitiert nach PEREZ (1988), bei nativen ecuatorianischen und peruanischen Meerschweinchen sind entsprechend. Vergleiche zwischen der Leistung der synthetischen nativen bolivianischen Linie (BB) mit der Linie peruanischer Meerschweinchen (PP) unter ungünstigen Umweltbedingungen (unzureichende Fütterung, Kältestress) weisen auf Genotyp x Umwelt-Interaktionen hin: Während auch unter solchen Verhältnissen über 90% der angepaarten Weibchen der bolivianischen Linie einen Wurf erbringen, sind es bei der peruanischen Linie im Extremfall nur 20 bis 40% (SOLANO, 1993; SABA, 1993).

### 2.3.1.5 Wurfgröße

Die Spannweite der Wurfgröße beim Meerschweinchen reicht von 1 bis 9, wobei normalerweise Würfe über 6 sehr selten vorkommen (WRIGHT, 1922). Die durchschnittliche Wurfgröße variiert je nach Herkunft und Umweltbedingungen von ca. 2 bis über 4 (siehe Tab.2.9). Hohe durchschnittliche Wurfgrößen zeichnen sich insbesondere durch einen hohen Anteil von Würfen von 4 und mehr Jungtieren aus (WRIGHT, 1922a, EVELEIGH & WILLIAMS, 1981). Unter ungünstigen Umweltbedingungen erhöhte sich bei den langjährigen Untersuchungen von WRIGHT (1922a) vor allem der Anteil der Wurfgrößen von 3 auf Kosten der von 4. Der Anteil von Einzelwürfen (11.4%) und Zweierwürfen (27.5%) blieb dagegen konstant. Bei den Inzuchtfamilien ist der Anteil an kleinen Würfen deutlich höher (Einzelwürfe: 17%, Zweierwürfe: 32%); die Häufigkeit unterscheidet sich deutlich von der nicht ingezüchteter Tiere vergleichbarer mittlerer Wurfgröße unter ungünstigen Bedingungen (WRIGHT, 1922a).

Bei den Untersuchungen von VALLE ZARATE et al. (1994) bei der bolivianischen Linie hingegen, bei der es sich um Kreuzungstiere zwischen verschiedenen nativen Herkunftsnativen handelt, ist auch eine beträchtliche Variation im Anteil kleiner Würfe in verschiedenen Würfen (Einzelwürfe: 5.9-19.11%; Zweierwürfe: 24.7-41.1%) zu beobachten, die sich nur durch Umwelteinflüsse erklären lässt. In der hochfruchtbaren Pirbright-Dunkin-Hartley-Linie wurden maximal 2.7% Einzelwürfe und 9.8% Zweierwürfe beobachtet, Würfe von 4 und 5 Jungtieren kommen am häufigsten vor (EVELEIGH & WILLIAMS, 1981).

Zweifellos bestehen genetische Unterschiede zwischen Herkunftsnativen in der Wurfgröße, wie vor allem die überragenden Wurfgrößen von über 4 beim Pirbright Dunkin Hartley Meerschweinchen zeigen, die mit ausreichendem Stichprobenumfang dokumentiert sind (z.B. EVELEIGH, 1980). Die Wurfgrößen nativer Meerschweinchen bei der Geburt liegen im allgemeinen unter denen peruanischer (siehe Tab.2.9).

Die Arbeiten von WRIGHT (1922a,b) und CICOONA et al. (1994) zeigen deutlich, dass sich die Wurfgröße in Folge von Inzucht verringert. Diese Inzuchtdepression von ca. 11 bis 18% gegenüber den Kontrolltieren wird durch den Einsatz von Kreuzungsmüttern wieder rückgängig gemacht. Die deutlich höhere Leistung der Gruppe AC (Inzuchtbock x F1-Weibchen) gegenüber CC (F1-Bock x F1-Weibchen) oder C1 (Vollgeschwisterpaarung zwischen F1-Tieren) erklärt sich WRIGHT (1922b) durch eine physiologische Beziehung zwischen Wurfgröße und Wurffrequenz, die sich entgegengesetzt beeinflussen (siehe Tab.2.9).

Bei den Kreuzungsversuchen zwischen der nativen synthetischen bolivianischen Linie (BB) und der peruanischen (PP) konnten keine Heterosiseffekte festgestellt werden. In einzelnen Würfen traten Linienunterschiede auf, wobei in diesen Fällen die positiven Effekte peruanischen Genanteils in der Mutter des betrachteten Individuums ( $g_m$ -Effekte) durch die negativen Effekte perua-

nischen Genanteils der Nachkommen ( $g_{nk}$ -Effekte) überkompensiert wurden (Tab.2.11).

Betrachtet man einen bestimmten Wurf, so spielen die allgemeinen Umwelteffekte sowie der Inzuchtgrad dieses Tieres nur eine geringe Rolle (weniger als ein Zehntel):

„The immediate direction of change in the condition of the dam at a critical period, for example, may be the important factor. From the standpoint of the condition of the female, during an appreciable period of time, it appears that variations in size of litter are largely a matter of chance. The most vigorous female may have a litter of 1 under what seems the best of conditions, and a litter of 4 may be born when everything seems opposed“ (WRIGHT, 1922a).

Heritabilitätsschätzwerte sind für die Wurfgrößen i.a. sehr niedrig (0-0.15); der extrem hohe Schätzwert von MALIK & KOHUN (1987) von 0.65 stellt eine große Ausnahme dar (siehe Tab. 2.13).

### **2.3.1.6 Anteil / Anzahl lebend geborener Jungtiere - Wurfgewicht bei der Geburt**

Der Anteil lebend geborener Jungtiere steht nach den Untersuchungen von GOY et al. (1959) in Beziehung zur Wurfgröße und Trächtigkeitsdauer. Die Totgeburtenrate ist etwas erhöht bei Einzelwürfen, bei denen es sich in der Regel um Spätgeburten handelt, hat ein Minimum bei Zweierwürfen und steigt dann mit zunehmender Wurfgröße an. Bei größeren Würfen handelt es sich meist um Frühgeburten. Der Anteil lebend geborener Jungtiere erreicht bei einer Trächtigkeitsdauer von 69 Tagen über alle Wurfgrößen, außer der Wurfgröße 1, die die Autoren als atypisch betrachten, und für beide untersuchten Linien ein Maximum.

Auf Grund des starken Effekts der Wurfgröße auf sämtliche perinatalen Merkmale verwendet WRIGHT einen Index, in welchem er die durchschnittlichen Wurfgrößen von eins, zwei, drei und vier im Verhältnis 1:3:4:2 (Daten von 1910-1915, 1920-1924) bzw. 1:3:3:1 (Daten von 1916-1919) gewichtet, um einen Vergleich zwischen den verschiedenen (Inzucht)linien unter „konstanten“ Umweltbedingungen zu ermöglichen.

Eine Beziehung zwischen der Wurfgröße insgesamt und dem Anteil lebend geborener Jungtiere konnte WRIGHT (1922a) jedoch nur bei den Inzuchttieren feststellen. Bei der Kontrolllinie war dieser Anteil über alle Wurfgrößen in etwa gleich. Der Anteil lebend geborener Jungtiere ist dem Autor zufolge im wesentlichen vom Gesundheitszustand der Mutter abhängig. Was Umwelteinflüsse betrifft, so führt unzureichende Fütterung, schlechte Grünfutterqualität oder plötzlicher Futterwechsel zu einer deutlichen Erhöhung der Totgeburtenrate.

Wie schon die Wurfgröße insgesamt ist auch der Anteil lebend geborener Jungtiere bei ingezüchteten Tieren (72.2-85%) gegenüber der Kontrolle oder Auszuchten (84.7-87.0%) um 2.3 bis 9.7% (WRIGHT, 1977) bzw. 12.5% (CICOONA et al., 1994) verringert. Die extrem hohe Totgeburtenrate von 45.2% der Inzuchtlinie (24% genetisch heterogene Linie) bei den Untersuchungen von GOY et al. (1959) kann den Autoren zufolge u.a. auf eine unterschiedliche Definition von Totgeburten zurückzuführen sein.

Bei den Wurfgewichten bei der Geburt kann mit einer noch stärkeren Inzuchtdepression gerechnet werden, bedingt durch eine verringerte Wurfgröße und ein geringeres Jungtiergewicht. Bei den Untersuchungen von CICOONA et al. (1994) besteht eine Differenz von ca. 27% zwischen Auszuchten (389 g) und Inzuchten (284 g).

Der Anteil lebend geborener Tiere liegt bei den Untersuchungen in Bolivien zwischen 92 und 100% sowohl in der bolivianischen als auch in der peruanischen Linie unter günstigen und ungünstigen Umweltbedingungen mit einer Ausnahme (vgl. SABA, 1993). Die Anzahl lebend geborener Tiere pro Wurf in den Untersuchungen von VALLE ZARATE et al. (1994) liefern ent-

sprechende Ergebnisse. Hierbei ist jedoch anzumerken, dass Wurfgrößen von null, also Totalverluste, bei der Wurfgröße lebend i.a. nicht berücksichtigt werden. Auch die wenigen anderen Untersuchungen weisen auf keine Unterschiede zwischen peruanischen und nativen Meerschweinchen im Anteil lebend geborener Jungtiere hin (CASTELLON, 1989; MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988). Wie anzunehmen, ist das Wurfgewicht bei der Geburt (nur lebend geborene Tiere) der im Vergleich zu nativen Herkünften um ca. 30 bis 45% schwereren peruanischen Linie höher als das von nativen, und zwar um ungefähr eben diese Liniendifferenz von ca. 35-45% (VALLE ZARATE et al., 1994; MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988). Für die Wurfgewichte von Einfachkreuzungen scheint, ähnlich wie bei der Wurfgröße, vor allem der Genotyp der Mutter ausschlaggebend zu sein (z.B. MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988).

EVELEIGH et al. (1987) konnten durch entsprechende Selektion den Anteil totgeborener Jungtiere von 9.31% im Jahr 1976 auf 5.65% im Jahr 1983 reduzieren. Die Wurfgröße bei der Geburt nahm dabei gleichzeitig von 4.45 auf 4.32 ab.

Die Kreuzungsversuche zwischen den Inzuchtlinien von WRIGHT (1922b) zeigen, dass auch der Anteil lebend geborener Nachkommen, ebenso wie die Wurfgröße, im wesentlichen vom Genotyp der Mutter abhängt. Die Überlegenheit von Kreuzungsmüttern (AC,CC,C1) gegenüber den ingezüchteten wird durch erneute Inzucht (C2) um die Hälfte reduziert (siehe Tab.2.9).

Die Ergebnisse der Kreuzungsparameterschätzung für die Wurfgröße lebend von VALLE ZARATE (1996) entsprechen denen der Wurfgröße insgesamt: keine Heterosis, in einzelnen Würfen positive maternale Effekte zugunsten der peruanischen Linie bzw. ungefähr doppelt so hohe negative Nachkommeneffekte, individuelle Linienunterschiede ( $g_i$ ) wurden nicht geschätzt. Diese wurden allerdings bei der Parameterschätzung für die Wurfgewichtseffekte mitberücksichtigt. Sie sind in zwei von 3 Würfen signifikant positiv, ebenso die direkten maternalen Effekte ( $g_m$ ). Die Schätzwerte für direkte Nachkommeneffekte ( $g_{nk}$ ) sind je nach Kreuzungsphase, Wurfnummer und verwendetem Modell unterschiedlich was die Signifikanz und die Richtung betrifft. Eine schlüssige Erklärung hierfür ist nicht möglich. Heterosiseffekte scheinen keine Rolle zu spielen (siehe Tab.2.11).

Die Heritabilitätsschätzungen für die Wurfgröße lebend entsprechen der für die Wurfgröße insgesamt bei der Geburt und sind, wenn überhaupt, nur wenig größer als null (siehe Tab.2.13).

### **2.3.1.7 Anteil / Anzahl abgesetzter Jungtiere - Wurfgewicht beim Absetzen**

Die Wurfgröße beim Absetzen zwischen nativen bolivianischen Herkünften (1.6-2.8) variiert über eine Standardabweichung ( $\bar{x}$ : 1.99; SD:1.07), die Aufzuchttrate zwischen diesen Linien geht von 60 bis 92% (VALLE ZARATE, 1996). Die Wurfgröße beim Absetzen ist in der peruanischen Linie höher als bei nativen synthetischen bolivianischen (VALLE ZARATE et al., 1994), was wegen der höheren Wurfgröße bei der Geburt nicht einen Unterschied in der Aufzuchttrate bedeuten muss. Die Wurfgewichte sind ebenfalls höher, und zwar um etwa 40% in den ersten beiden Würfen, im dritten Wurf macht die Differenz nur noch 10% aus. Angaben zur Wurfgröße beim Absetzen liegen für den 3. Wurf nicht vor (siehe Tab.2.9).

Genotyp x Umwelt-Interaktionen in der Aufzuchttrate können bei dem geringen Stichprobenumfang von SOLANO (1993) oder SABA (1993) nicht nachgewiesen werden. Schlechte Futterqualität, die zufälligerweise den peruanischen Meerschweinchen auf Station zukam, könnte eine Rolle gespielt haben.

Sämtliche Inzuchtversuche gehen mit einer Depression der Aufzuchttrate von 3.1 bis 12.5% einher, wobei eine beträchtliche Variation zwischen den Inzuchtfamilien besteht (WRIGHT, 1922a,b, 1977; CICOONA et al., 1994). Die Überlegenheit im Wurfabsetzgewicht der

Auszuchten gegenüber den Inzuchten liegen bei CICOONA et al. (1994) bei über 30% (siehe Tab. 2.9).

Schon eine Einfachkreuzung zwischen Inzuchtlinien (C0) führt zu einer deutlichen Erhöhung der Aufzuchttrate gegenüber den Inzuchtlinien, die auf dem Niveau der Kontrolllinie liegt. Es kann daraus geschlossen werden, dass der Genotyp der Nachkommen einen wichtigen Faktor für sein Überleben während der Aufzucht darstellt. Auch kann davon ausgegangen werden, dass Kreuzungsmütter (AC, CC, C1) mehr Junge aufziehen als Inzuchtmütter, auch wenn dies zum Teil nicht offensichtlich ist, aufgrund der höheren Anzahl lebend geborener Nachkommen (WRIGHT, 1922b). Die Aufzuchttrate bis zum Absetzen wird dem Autor zufolge zu drei Vierteln vom Genotyp der Mutter und zu einem Viertel vom Genotyp der Nachkommen bestimmt. Die Aufzuchttrate von C2 (ingezüchtete Eltern und Nachkommen) liegt nach den Werten der Tabelle von WRIGHT (1922b) bei 85.5%, in seiner Abbildung und Ausführungen liegt der Wert dagegen bei ca. 80%, also niedriger als bei C1, was den Erwartungen entspricht.

Bei der Kreuzungsparameterschätzung von VALLE ZARATE (1996) konnten weder bei der Wurfgröße noch beim Wurfgewicht beim Absetzen Heterosiseffekte festgestellt werden. Bei der Aufzuchttrate hingegen wurden vereinzelt (in zwei von 5 Würfen) schwach positive Heterosiseffekte der Mutter ( $h_i$ ) und des Paarungspartners ( $h_p$ ) beobachtet. Während bei der Wurfgröße beim Absetzen kaum von Linienunterschieden ausgegangen werden kann, scheint sich das Wurfgewicht mit zunehmendem peruanischen Genanteil der Mutter ( $g_i$ ) in drei von 4 Würfen zu erhöhen. Auch bei der Aufzuchttrate scheint ein erhöhter peruanischer Genanteil in der Mutter ( $g_i$ ) positiv zu sein (drei von 5 Würfen), in den Nachkommen ( $g_{nk}$ ) in erhöhtem Maße negativ (siehe Tab.2.11).

Heritabilitätsschätzungen für die Wurfgröße beim Absetzen liegen wenige vor. Diese variieren zwischen 0.08 und 0.53, wobei eher mit dem niedrigeren Wert in der Praxis zu rechnen ist (siehe Tab.2.13).

### **2.3.1.8 Wurfrequenz**

Die Wurfrequenz kann zum einen als Einzelmerkmal in Form der Zwischenwurfzeit gemessen werden, die hier auch das Intervall zwischen der 1. Anpaarung und dem 1. Wurf miteinbezieht. Zum anderen kann sie auch als Produktivitätsmerkmal betrachtet werden und zwar als Anzahl Würfe pro (angepaartem) Muttertier und Zeiteinheit.

Es liegen nur wenige Untersuchungen zur Zwischenwurfzeit vor. Die durchschnittlichen Zwischenwurfzeiten von 29 verschiedenen nativen bolivianischen Herkünften variieren von 69 bis 79 Tagen (VALLE ZARATE, 1996). Ein Vergleich zwischen der peruanischen Linie und der bolivianischen Basispopulation deutet auf niedrigere Zwischenwurfzeiten in der bolivianischen Linie hin (LIZECA, 1997, SOLANO, 1993, SABA, 1993).

CICOONA et al. (1994) beobachten keinen Unterschied in der Zwischenwurfzeit zwischen ingezüchteten und ausgezüchteten Tieren. Hierbei ist zu beachten, dass die ingezüchteten Tiere nur einer oder wenigen Generationen Inzucht (Vollgeschwister- oder Vater-Tochter-Paarung) unterlagen. Es liegt der Schluss nahe, dass kurzfristige Inzucht sich weniger auf die Wurfrequenz, sondern eher auf die Wurfgröße und die Vitalität bei der Geburt und bis zum Absetzen auswirkt. Die Anzahl Würfe pro Mutter und Jahr von In- und Auszuchten unterscheidet sich ebenfalls nicht. Bei den langjährigen Inzuchtversuchen von WRIGHT (1922a,b) hingegen ist die Anzahl Würfe pro Jahr bei den Inzuchtfamilien um 5.7 bis 12.5% deutlich niedriger als bei der Kontrolllinie (WRIGHT, 1977).

Zwischen den Intervallen aufeinanderfolgender Würfe konnte WRIGHT (1922a) keine Bezie-



hung in der Kontrolllinie feststellen ( $r=-0.01\pm0.03$ ), was dem Autor zufolge Erbllichkeit und den Gesundheitszustand der Mutter über lange Zeitspannen hinweg als wichtige Faktoren ausschließt.

Die Anzahl Würfe pro Jahr der nativen bolivianischen Herkunft variiert zwischen 2.9 und 5.0 (VALLE ZARATE, 1996), was auf eine große Diversität zwischen den Linien in diesem Merkmal hinweist. Zwischen der bolivianischen Basispopulation und der peruanischen Linie konnten jedoch keine Unterschiede festgestellt werden (LIZECA, 1997).

Die Kreuzungsversuche zwischen Inzuchtlinien weisen auf einen großen Einfluss beider Eltern, vor allem des Vaters, auf die Wurf Frequenz hin: Die Wurf Frequenz eines Kreuzungsweibchens mit einem Inzuchtbock (AC) zeigt bereits eine deutliche Verbesserung gegenüber den Inzuchtlinien (3.82 Würfe pro Jahr), die Paarung eines F1-Bockes mit einem Inzuchtweibchen (CA) zeigt eine wesentlich höhere Leistung (4.16 Würfe pro Jahr). Die Verwendung von Kreuzungsweibchen und Kreuzungsböcken (CC, C1) bringt jedoch noch eine höhere Leistung mit sich (4.34-4.38 Würfe pro Jahr). Erneute Inzucht (C2) lässt diese Leistung etwas zurückgehen (4.26 Würfe pro Jahr). Der Genotyp der Nachkommen scheint keinen Einfluss auf die Wurf Frequenz zu haben. Die Kreuzung zwischen Inzuchtlinien (C0) entspricht dem Niveau des Durchschnitts der Inzuchtlinien. Ebenso konnte keine Inzuchtdepression bei C1 festgestellt werden, wo es sich um Vollgeschwisterpaarung zwischen F1-Eltern handelt (siehe Tab.2.10).

Interessanterweise liegt die Leistung sämtlicher Kreuzungstypen (mit Ausnahme von C0) deutlich über der Wurf Frequenz der Kontrolllinie (3.68 Würfe pro Jahr). WRIGHT (1922b) nimmt an, dass bei den Inzuchtfamilien eine natürliche Selektion auf Wurf Frequenz stattgefunden haben muss, die Kreuzungstiere demgemäß von selektierten Vorfahren abstammen.

Die Kreuzungsparameterschätzung von KINGHORN (1987a) an den Daten von WRIGHT (1922), die in erster Linie die Bedeutung von epistatischen Effekten zeigen soll, weist signifikant negative Dominanzeffekte der Nachkommen (dnk) und doppelt so hohe signifikant positive Additiv x Additiv-Interaktionen der Nachkommen (aank) nach. Individuelle Effekte waren nicht signifikant, Effekte des Paarungspartners konnten nicht im Modell berücksichtigt werden (siehe Tab.2.12).

VALLE ZARATE (1996) konnte für die Zwischenwurfzeit keine signifikanten Kreuzungseffekte (weder Heterosis noch Populationsdifferenzen) feststellen. Bei der Anzahl Würfe pro Jahr wurden positive individuelle Heterosiseffekte ( $h_i$ ) beobachtet und etwa doppelt so hohe negative Linienunterschiede in den Nachkommen ( $g_{nk}$ ), (siehe Tab.2.11).

Entsprechend der Zwischenwurfzeit spielen genetische Faktoren in der Anzahl Würfe pro Jahr kaum eine Rolle, wie die nicht signifikanten Korrelationen zwischen Eltern und Nachkommen sowohl bei der Kontrolllinie als auch bei den Inzuchten in den Untersuchungen von WRIGHT (1922a) andeuten. Jedoch konnten signifikante Unterschiede zwischen den Inzuchtfamilien festgestellt werden (WRIGHT, 1922a).

### 2.3.1.9 Anzahl / Gewicht geborener und abgesetzter Nachkommen pro Zeiteinheit

Die Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Mutter und Jahr ist ein Komplexmerkmal, das durch die Wurffrequenz, die Wurfgröße bei der Geburt, dem Anteil lebend geborener sowie dem Anteil aufgezogener Nachkommen bestimmt wird, die jeweils für sich schon sehr komplex sind. Die Inzuchtdepression von 24.6 bis 37.6% in der Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Jahr, die sich aus Multiplikation zwischen den Einzelmerkmalen ergibt (WRIGHT, 1977; CICOONA et al., 1994), ist entsprechend hoch.

Bemerkenswert ist vor allem die Leistung des Pirbright-Dunkin-Hartley Meerschweinchens, das 14 bis 17 Junge pro Jahr absetzt (EVELEIGH, 1980). Bei den nativen bolivianischen Herkünften liegt die Anzahl der jährlich geborenen Jungtiere zwischen 6 und 14, beim Absetzen zwischen 5 und 12 (VALLE ZARATE, 1996). Die Jahresleistung der synthetischen bolivianischen Linie in Anzahl und Gewicht geborener und abgesetzter Nachkommen liegt unter der peruanischen (LIZECA, 1997). Das überaus hohe Jahresabsetzgewicht der besten nativen Herkunft (2750 g) könnte durchaus über dem der peruanischen Linie liegen, trotz deren deutlich höheren Körpergewichts. Ein direkter Vergleich hierzu liegt jedoch nicht vor. Um dem Unterschied im Körpergewicht verschiedener Herkünfte Rechnung zu tragen, müsste die erbrachte Leistung auf das metabolische Muttergewicht bezogen werden, das den Erhaltungsbedarf der Mutter mitberücksichtigt.

Die Jahresleistung der Kreuzungen zwischen Inzuchtlinien sowohl in der Anzahl geborener als auch in der abgesetzter Nachkommen liegt mit Ausnahme von C0 (Einfachkreuzung zwischen Inzuchtlinien) deutlich über der Kontrolllinie. Da es sich hierbei um Komplexmerkmale handelt, vermutet WRIGHT (1922) keine Überdominanz in diesen beiden Merkmalen. Vielmehr könnte es sich um Nicht-Linearitäts-Effekte handeln (WRIGHT, 1922b), siehe auch Punkt 2.1.2.3 Komplementarität. Insgesamt betrachtet, hängt die Gesamtleistung im wesentlichen vom Genotyp der Mutter ab, trotz des größeren Einflusses des Vaters auf die Wurffrequenz.

Die Kreuzungsparameterschätzung von KINGHORN (1987a) an den Daten von WRIGHT (1922b) berücksichtigt nur Dominanz- und Additiv x Additiv-Interaktionen in der Mutter und den Nachkommen. Hierbei sind signifikant negative Dominanzeffekte der Nachkommen ( $dn_k$ ) festzustellen und in etwa doppelt so hohe positive Additiv-Additiv-Interaktionen (siehe Tab.2.12).

VALLE ZARATE (1996), die für die Gesamtleistungsmerkmale nur additive Nachkommen- und individuelle Heterosiseffekte ( $g_{nk}$  und  $h_i$ ) schätzt, stellt positive Heterosiseffekte in den Müttern ( $h_i$ ) fest und mehr als doppelt so hohe negative additive Nachkommeneffekte ( $g_{nk}$ ), (siehe Tab.2.11).

Was die Vererblichkeit in den genannten Reproduktionsmerkmalen betrifft, so kommt WRIGHT (1922b) zu folgender Schlussfolgerung:

„...Over 90 per cent of that (*the individual variation*) in the rate of gain, and size of litter is determined by external conditions. Progress by ordinary selection of individuals would thus be very slow or nil. A single unfortunate selection of a sire, good as individual, but inferior in heredity, is likely at any time to undo all past progress.“

Angesichts der Tatsache dass engste Inzucht in über 20 Generation zu keinen offensichtlichen Degenerationen geführt hat, weist er auf die durch Inzüchtung zu gewinnenden Chancen hin:

„On the other hand, by starting a large number of inbred lines, important hereditary differences in these respects are brought clearly to light and fixed. Crosses among these lines ought to give a full recovery of whatever vigor has been lost by inbreeding, and particular crosses may safely be expected to show a combination of desired characters distinctly superior to the original stock. Thus a crossbred stock can be developed which can be maintained at a higher level than the original stock, a level which could not have been reached by selection alone.“

**Tab.2.9: Literaturangaben zur Reproduktionsleistung: Einzelmerkmale. Table 2.9 Literature review: Reproduction traits in guinea pigs: Single traits**

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht {PE} <sup>2)</sup> g	Wurf- rate %	WGR-G <sup>3)</sup> (S.E.) {PE} n	NK-L <sup>4)</sup> (S.E.) {PE} %	WGR L <sup>5)</sup> (S.E.) n	WG-G <sup>6)</sup> (S.E.) g	NK-A <sup>7)</sup> (S.E.) {PE} %	WGR-A <sup>8)</sup> (S.E.) n	WG-A <sup>9)</sup> (S.E.) g	ZWZ <sup>10)</sup> (S.E.) Tage
<b>WRIGHT</b> (1977) <sup>11)</sup> 1910-1915	K <sup>13)</sup>	/ 2071			3.03	87.0			85.6			
	I <sup>14)</sup>	/10674			2.49	85.0			83.0			
<b>WRIGHT</b> (1922b) <sup>11)</sup> 1916-1919	K	588 / 1559	700 {7.9}		2.65 {0.02}	86.8 {0.8}			83.8 {0.9}			
	I	1981 / 4611	657 {4.5}		2.33 {0.03}	77.7 {0.5}			72.1 {0.6}			
	C0 <sup>15)</sup> : I <sub>i</sub> x I <sub>j</sub>	588 / 1334	641 {4.8}		2.27 {0.03}	79.5 {1.0}			84.8 {0.9}			
	CA <sup>16)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x I <sub>k</sub>	164 / 410	641 {4.8}		2.50 {0.06}	85.8 {1.5}			91.7 {1.3}			
	AC <sup>17)</sup> : I <sub>k</sub> x F1 <sub>ij</sub>	184 / 571	726 {6.6}		3.10 {0.06}	89.5 {1.2}			91.4 {1.2}			
	CC <sup>18)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x F1 <sub>kl</sub>	238 / 617	726 {6.6}		2.59 {0.05}	86.3 {1.2}			84.5 {1.4}			
	C1 <sup>19)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x F1 <sub>ij</sub>	249 / 629	726 {6.6}		2.53 {0.05}	88.2 {1.1}			82.5 {1.4}			
	C2 <sup>20)</sup> : F2 <sub>ij</sub> x F2 <sub>ij</sub>	75 / 182	667 {17.5}		2.43 {0.08}	85.6 {2.2}			85.5 {2.4}			
<b>WRIGHT</b> (1977) <sup>11)</sup> 1920-1924	K	/ 1475			2.83	87.0			84.0			
	I	/ 5265			2.51	83.5			76.0			
<b>CICOONA et al.</b> (1994) <sup>12)</sup>	Auszuchten	109 / 418			4.4 (0.1)a	84.7a	3.8 (0.1)a	389 (10.5)a	95.9a	3.6 (0.1)a	950 (24.8)a	85 (1.4)
	Inzuchten	100 / 290			3.9 (0.1)b	72.2b	2.9 (0.1)b	284 (11.2)b	87.4b	2.7 (0.1)b	654 (28.8)b	85 (1.4)

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> PE: geschätztem wahrscheinlichen Fehler (absolute Zahlen:  $PE=1.25 \times 0.6745 \sigma/\sqrt{n}$ , Prozentzahlen:  $PE=1.25 \times 0.6745 \sigma/\sqrt{(p(1-p)/n)}$  n: Anzahl geborener Jungtiere in Wurfgrößen von 1 bis 4; <sup>3)</sup> WGR-G: Wurfgröße bei der Geburt gesamt; <sup>4)</sup> %NK-L: Anteil lebend geborener Nachkommen von gesamt geborenen Nachkommen in %; <sup>5)</sup> WGR-L: Wurfgröße bei der Geburt lebend; <sup>6)</sup> WG-G: Wurfgewicht bei der Geburt; <sup>7)</sup> %NK-A: Anteil aufgezogener Nachkommen von lebend geborenen Nachkommen; <sup>8)</sup> WGR-A: Wurfgröße beim Absetzen; <sup>9)</sup> WG-A: Wurfgewicht beim Absetzen; <sup>10)</sup> ZWZ: Zwischenwurfzeit

<sup>11)</sup> Absetzen 33 Tage post partum; Wurfgrößenkorrektur (Index) für %NK-L, %NK-A (siehe Text);

<sup>12)</sup> Absetzen 21 Tage post partum

<sup>13)</sup> K: Kontrolllinie; <sup>14)</sup> I: Durchschnitt der Inzuchtlinien;

<sup>15)</sup> C0: Paarung zwischen Inzuchtfamilien I; <sup>16)</sup> CA: Inzuchtbock x F1-Weibchen (3 Familien involviert); <sup>17)</sup> AC: F1-Bock x Inzuchtweibchen (3 Familien involviert);

<sup>18)</sup> CC: F1 x F1 (4 Familien involviert); <sup>19)</sup> C1: Vollgeschwister-Paarung innerhalb F1 (2 Familien involviert); <sup>20)</sup> C2: Vollgeschwister-Paarung innerhalb F2 (C1xC1; 2 Familien involviert);

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

**Tab.2.9: Fortsetzung.** *Table 2.9: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n  Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht (S.E.) [SD] g	Wurf- rate %	WGR-G <sup>2)</sup> (S.E.) [SD] n	NK-L <sup>3)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR L <sup>4)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-G <sup>5)</sup> (S.E.) [SD] g	NK-A <sup>6)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR-A <sup>7)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-A <sup>8)</sup> (S.E.) [SD] g	ZWZ <sup>9)</sup> (S.E.) Tage
EVELEIGH (1980)	PDH <sup>12)</sup> - 1976 PDH - 1977 PDH - 1978	/9911 /9795 /8611			4.45 4.48 4.61	90.69 92.14 90.37				3.75 3.85 3.79		
EVELEIGH & WILLIAMS WILLIAMS (1981)	PDH 1.Wurf PDH 2.Wurf PDH 3. Wurf PDH 4.Wurf PDH 5. Wurf	184 184 184 184 184			3.65 [0.84] 4.59 [1.43] 4.42 [1.48] 4.59 [1.59] 4.74 [1.60]	92.00 91.07 92.76 92.59 92.62	3.36 [0.90] 4.18 [1.45] 4.10 [1.44] 4.25 [1.61] 4.39 [1.56]			3.24 [0.86] 3.88 [1.33] 3.77 [1.34] 3.73 [1.46] 3.82 [1.54]		
VALLE ZARATE (1996) <sup>10)</sup>	29 N-Herkünfte <sup>13)</sup> min - max	1230 / 2809	634.6 (3.2) 550 - 790	>90%	2.37 [0.99] 2.0 - 3.1	97.1	2.30 [1.00] 2.0 - 3.0	207.7 [81] 180 - 290	88.4 92-60	1.99 [1.07] 1.6 - 2.8	410.7 [221] 290 - 680	73.9 [13] 69 - 79
VALLE ZARATE et al. et al. (1994) <sup>11)</sup>	BB <sup>14)</sup>    PP <sup>15)</sup>	1. Wurf: 164 / 440 2. Wurf: 168 / 371 3. Wurf: 146 4. Wurf: 85 1. Wurf: 111 / 361 2. Wurf: 99 / 290 3. Wurf: 82	544 648 671 1142 1211 1173	91.2 93.3 81.1 47.2 92.5 82.5 68.3	2.7 [0.93] 2.3 [0.91] 2.5 [0.96] 2.9 [1.10] 3.3 [0.8] 2.7 [1.0] 2.8 [1.0]		2.5 [0.97] 2.2 [0.96] 2.4 [0.93] 2.7 [0.99] 3.1 [0.9] 2.7 [1.1] 2.8 [1.0]	222 255 258 211 390 420 410		2.3 1.9 536.6 545.1 539.7	321.5 330.7 483.5	71.9 [11.4] 73.3 [10.7]

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> WGR-G: Wurfgröße bei der Geburt gesamt; <sup>3)</sup> %NK-L: Anteil lebend geborener Nachkommen von gesamt geborenen Nachkommen in %; <sup>4)</sup> WGR-L: Wurfgröße bei der Geburt lebend; <sup>5)</sup> WG-G: Wurfgewicht bei der Geburt; <sup>6)</sup> %NK-A: Anteil aufgezogener Nachkommen von lebend geborenen Nachkommen; <sup>7)</sup> WGR-A: Wurfgröße beim Absetzen; <sup>8)</sup> WG-A: Wurfgewicht beim Absetzen; <sup>9)</sup> ZWZ: Zwischenwurfzeit;

<sup>10)</sup> Absetzen 21 Tage post partum; <sup>11)</sup> Absetzen 14 Tage p.p.;

<sup>12)</sup> PDH: Pirbright Dunkin Hartley-Meerschweinchen; eigene Zahlenextrapolation aus Abbildungen; ZWZ: Angaben von **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1997) über alle Würfe

<sup>13)</sup> N: Native Meerschweinchen; <sup>14)</sup> BB: Bolivianische Basispopulation (Kreuzung zwischen nativen 29 Herkünften) im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamaba, Bolivien;

<sup>15)</sup> PP: Peruanische Basispopulation (von Peru nach Bolivien importierte „verbesserte“ peruanische Meerschweinchen) im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien  
kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen

**Tab.2.9: Fortsetzung.** *Table 2.9: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n  Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht (S.E.) [SD] g	Wurf- rate %	WGR-G <sup>2)</sup> (S.E.) [SD] n	NK-L <sup>3)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR L <sup>4)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-G <sup>5)</sup> (S.E.) [SD] g	NK-A <sup>6)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR-A <sup>7)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-A <sup>8)</sup> (S.E.) [SD] g	ZWZ <sup>9)</sup> (S.E.)  Tage
<b>SOLANO</b> (1993) <sup>10)</sup>	BB <sup>11)</sup> – Andental	1. Wurf: 14 / 37		90	3.08				95.5			80.4 [18.4]
		2. Wurf: 12 / 44		93	3.64				93.2			66.8 [4.5]
	PP <sup>12)</sup> – Andental	1. Wurf: 13 / 36		72	2.76				88.9			78.3 [7.7]
		2. Wurf: 8 / 22		44	2.75				81.8			94.7 [42.2]
	BB – Altiplano	1. Wurf: 24 / 62		96	2.74				82.3			99.7 [31.7]
		2. Wurf: 22 / 63		88	3.00				61.9			87.2 [33.4]
	PP – Altiplano	1 Wurf : 12 / 17		60	2.10				47.1			136.8 [73.5]
		2. Wurf: 4 / 17		22	1.89				81.3			85.8 [21.4]
<b>SABA</b> (1993) <sup>10)</sup>	BB – Feld1	10 / 23		100	2.3 [0.64]	100.0			87.0			72.1 [6.7]
	PP -Feld1	7 / 17		80	2.5 [0.71]	76.5			69.0			78.4 [5.4]
	BB – Feld2	20 / 52		100	2.7 [0.70]	100.0			100			75.6 [5.9]
	PP – Feld2	18 / 49		90	3.0 [1.22]	98.0			100			79.8 [8.0]
	BB – Feld3	10 / 29		100	3.1 [0.94]	96.6			100			75.3 [5.9]
	PP – Feld3	10 / 27		100	3.0 [0.77]	100.0			100			74.2 [2.9]
	BB-Station L <sup>13)</sup>	15 / 44		100	2.9 [0.10]	97.7			86.0			71.5 [4.8]
	PP-Station L	7 / 27		46.7	3.3 [0.88]	92.6			36.0			74.4 [3.9]
	BB-Station L/K <sup>14)</sup>	15 / 49		100	3.3 [0.92]	98.0			91.7			73.1 [3.4]
	PP-Station L/K	14 / 51		93.3	3.6 [1.15]	92.0			76.6			75.4 [6.7]

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> WGR-G: Wurfgröße bei der Geburt gesamt; <sup>3)</sup> %NK-L: Anteil lebend geborener Nachkommen von gesamt geborenen Nachkommen in %; <sup>4)</sup> WGR-L: Wurfgröße bei der Geburt lebend; <sup>5)</sup> WG-G: Wurfgewicht bei der Geburt; <sup>6)</sup> %NK-A: Anteil aufgezogener Nachkommen von lebend geborenen Nachkommen; <sup>7)</sup> WGR-A: Wurfgröße beim Absetzen; <sup>8)</sup> WG-A: Wurfgewicht beim Absetzen; <sup>9)</sup> ZWZ: Zwischenwurfzeit;

<sup>10)</sup> Absetzen 14 Tage post partum; <sup>11)</sup> BB: Bolivianische Linie des Projekts Mejocuy; <sup>12)</sup> Peruanische Linie des Projekts Mejocuy;

<sup>13)</sup> Fütterung von Luzerne; <sup>14)</sup> Fütterung von Luzerne und Kraftfutter

**Tab.2.9: Fortsetzung.** *Table 2.9: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht (S.E.) [SD] g	Wurf- rate %	WGR-G <sup>2)</sup> (S.E.) [SD] n	NK-L <sup>3)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR L <sup>4)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-G <sup>5)</sup> (S.E.) [SD] g	NK-A <sup>6)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR-A <sup>7)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-A <sup>8)</sup> (S.E.) [SD] g	ZWZ <sup>9)</sup> (S.E.) Tage
CASTELLON <sup>10)</sup> (1989)	N <sup>12)</sup>	16/ 40			2.9	100			86.9			
	P <sup>13)</sup> x N	5/ 9			2.5	100			100			
	N x P	4/ 10			2.7	100			100			
	P	4/ 11			1.8	100			90.9			
MARINO (1981) zitiert nach PEREZ (1988)	P x P		1146a	83.3a	3.0a	67a		395.0a				
	N x P		1120a	100 a	3.33a	67a		406.3a				
	P x N		785b	100 a	2.66ab	84a		263.5b				
	N x N		786b	83.3a	2.33b	100a		258.8b				
ALIAGNA B. (1990) <sup>11)</sup>	P1 x N	21	488.1 [60.5]		2.75 [0.85]a	89.1		227.9 [63.6]a	81.8			
	P2 x N	21	517.8 [68.9]		2.60 [0.75]a	94.2		235.7 [60.8]a	84.6			
	P3 x N	21	484.5 [56.1]		2.63 [0.83]a	86.0		260.9 [96.5]a	94.0			
	P4 x N	21	485.7 [72.7]		2.16 [0.76]a	78.1		214.6 [54.5]a	87.8			
	P1 x (P1xN)		544.0 [58.2]		2.25 [0.44]a	93.3		252.7 [56.2]a	86.7			
	P2 x (P2xN)		534.5 [63.8]		2.00 [0.74]a	100		222.5 [73.7]a	92.1			
	P3 x (P3xN)		560.7 [56.7]		2.07 [0.47]a	100		247.6 [62.9]a	86.2			
	P4 x (P4xN)		575.0 [88.9]		2.00 [1.00]a	100		226.2 [74.4]a	84.6			

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> WGR-G: Wurfgröße bei der Geburt gesamt; <sup>3)</sup> %NK-L: Anteil lebend geborener Nachkommen von gesamt geborenen Nachkommen in %; <sup>4)</sup> WGR-L: Wurfgröße bei der Geburt lebend; <sup>5)</sup> WG-G: Wurfgewicht bei der Geburt; <sup>6)</sup> %NK-A: Anteil aufzogener Nachkommen von lebend geborenen Nachkommen; <sup>7)</sup> WGR-A: Wurfgröße beim Absetzen; <sup>8)</sup> WG-A: Wurfgewicht beim Absetzen; <sup>9)</sup> ZWZ: Zwischenwurfzeit;

<sup>10)</sup> Absetzen 28 Tage post partum;

<sup>11)</sup> Absetzen 15 Tage post partum; Muttergewichte bei der Anpaarung

<sup>12)</sup> N: Native Meerschweinchen; <sup>13)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

**Tab.2.9: Fortsetzung.** *Table 2.9: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht (S.E.) [SD] g	Wurf- rate %	WGR-G <sup>2)</sup> (S.E.) [SD] n	NK-L <sup>3)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR L <sup>4)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-G <sup>5)</sup> (S.E.) [SD] g	NK-A <sup>6)</sup> (S.E.) [SD] %	WGR-A <sup>7)</sup> (S.E.) [SD] n	WG-A <sup>8)</sup> (S.E.) [SD] g	ZWZ <sup>9)</sup> (S.E.) Tage
OLIVO zitiert nach CHAUCA (1993a)	N <sup>10)</sup> x N P x N u./o.N x P P x P <sup>11)</sup>				1.44b 1.90a 2.22a							
FUNDACION 4-F zitiert nach CHAUCA (1993a)	N x N P x N u./o.N x P P x P				1.50 2.70 2.78							
ATEHORTUA & CAYCEDO & CAYCEDO (1977)	P N		1400 650		2.6 1.5							
ZEVALLOS (1985) zit. nach ALIAGA B. (1990)	3 RZ (P) <sup>12)</sup> Kreuzg zw. RZ				3.07 [0.83] 2.85 [0.92]							
SANTOS (1970) zitiert nach MUSCARI (1993)	C <sup>13)</sup> x C C x A <sup>14)</sup> A x C A x A				2.5 2.0 2.4 2.5			283 253 278 254		2.2 2.0 2.2 2.1	747 723 736 659	

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> WGR-G: Wurfgröße bei der Geburt gesamt; <sup>3)</sup> %NK-L: Anteil lebend geborener Nachkommen von gesamt geborenen Nachkommen in %; <sup>4)</sup> WGR-L: Wurfgröße bei der Geburt lebend; <sup>5)</sup> WG-G: Wurfgewicht bei der Geburt; <sup>6)</sup> %NK-A: Anteil aufzogener Nachkommen von lebend geborenen Nachkommen; <sup>7)</sup> WGR-A: Wurfgröße beim Absetzen; <sup>8)</sup> WG-A: Wurfgewicht beim Absetzen; <sup>9)</sup> ZWZ: Zwischenwurfzeit;

<sup>10)</sup> N: Native Meerschweinchen; <sup>11)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen

<sup>12)</sup> 3 verschiedene Linien peruanischer Meerschweinchen

<sup>13)</sup> C: Ökotyp (native Meerschweinchen) aus der Provinz Cajamarca, Peru; 14) A: Ökotyp aus der Provinz Arequipa, Peru

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant (p < 0.05)



**Tab.2.10: Literaturangaben zur Reproduktionsleistung: Produktivitätsmerkmale. Table 2.10: Literature review: Reproduction traits in guinea pigs: Productivity traits**

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht {PE} <sup>2)</sup> g	Würfe/ M. u. Jahr <sup>3)</sup> (S.E.) {PE} n	NK-G/ M. u. Jahr <sup>4)</sup> (S.E.) {PE} n	GNK-G/ M. u. Jahr <sup>5)</sup> g	NK-A/ M. u. Jahr <sup>6)</sup> (S.E.) {PE} n	NK-A/ M. u. Halbjahr <sup>7)</sup> g	NK-A/ Woche <sup>8)</sup> n	GNK-A/ M. u. Jahr <sup>9)</sup> g	GNK-A/ M. u. Halb- jahr <sup>10)</sup> g
<b>WRIGHT</b> (1977) <sup>11)</sup> 1910-1915	K <sup>13)</sup>	/ 2071		3.67			8.28				
	I <sup>14)</sup>	/ 10674		3.36			5.80				
<b>WRIGHT</b> (1922b) <sup>11)</sup> 1916-1919	K	588 / 1559	700 {7.9}	3.68 {0.05}	9.77 {1.17}		6.71 {1.14}				
	I	1981 / 4611	657 {4.5}	3.18 {0.03}	7.40 {0.08}		3.96 {0.07}				
	C0 <sup>15)</sup> : I <sub>i</sub> x I <sub>j</sub>	588 / 1334	641 {4.8}	3.21 {0.06}	7.28 {0.15}		4.48 {0.12}				
	CA <sup>16)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x I <sub>k</sub>	164 / 410	641 {4.8}	4.16 {0.08}	10.41 {0.36}		7.99 {0.28}				
	AC <sup>17)</sup> : I <sub>k</sub> x F1 <sub>ij</sub>	184 / 571	726 {6.6}	3.82 {0.09}	11.85 {0.34}		9.02 {0.26}				
	CC <sup>18)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x F1 <sub>kl</sub>	238 / 617	726 {6.6}	4.38 {0.06}	11.36 {0.32}		7.61 {0.24}				
	C1 <sup>19)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x F1 <sub>ij</sub>	249 / 629	726 {6.6}	4.34 {0.06}	10.96 {0.30}		7.46 {0.23}				
	C2 <sup>20)</sup> : F2 <sub>ij</sub> x F2 <sub>ij</sub>	75 / 182	667 {17.5}	4.26 {1.11}	10.34 {0.54}		7.10 {0.42}				
<b>WRIGHT</b> (1977) <sup>11)</sup> 1920-1924	K	/ 1475		3.52			6.62				
	I	/ 5265		3.32			4.99				
<b>CICOONA et al.</b> (1994) <sup>12)</sup>	Auszuchten	109 / 418		4.3	16.3		15.4				
	Inzuchten	100 / 290		4.3	12.4		11.6				

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> PE: geschätzter wahrscheinlicher Fehler ( $PE=1.25 \times 0.6745 \sigma/\sqrt{n}$ , n: Anzahl geborener Jungtiere in Wurfgrößen von 1 bis 4; <sup>3)</sup> Würfe/M. u. Jahr: Anzahl Würfe pro Muttertier und Jahr; <sup>4)</sup> NK-G/M. u. Jahr: Anzahl geborener Nachkommen pro Muttertier und Jahr (in der Regel lebend geborene); <sup>5)</sup> GNK-G/M. u. Jahr: Gesamtgewicht der Nachkommen bei der Geburt pro Muttertier und Jahr (lebend geborene); <sup>6)</sup> NK-A/M. u. Jahr: Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Jahr; <sup>7)</sup> NK-A/M. u. Halbjahr: Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr; <sup>8)</sup> NK-A/M. u. Woche: Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Woche; <sup>9)</sup> GNK-A / M. u. Jahr: Gesamtgewicht der Nachkommen beim Absetzen pro Muttertier und Jahr; <sup>10)</sup> GNK-A/ M. u. Halbjahr: Gesamtgewicht der Nachkommen beim Absetzen pro Muttertier und Halbjahr; <sup>11)</sup> Absetzen 33 Tage post partum; NK-G/M u. Jahr umfasst lebend und tot geborene Nachkommen; <sup>12)</sup> Absetzen 21 Tage post partum;

<sup>13)</sup> K: Kontrolllinie; <sup>14)</sup> I: Durchschnitt der Inzuchtlinien; <sup>15)</sup> C0: Paarung zwischen Inzuchtfamilien I; <sup>16)</sup> CA: Inzuchtbock x F1-Weibchen (3 Familien involviert); <sup>17)</sup> AC: F1-Bock x Inzuchtweibchen (3 Familien involviert); <sup>18)</sup> CC: F1 x F1 (4 Familien involviert); <sup>19)</sup> C1: Vollgeschwister-Paarung innerhalb F1 (2 Familien involviert); <sup>20)</sup> C2: Vollgeschwister-Paarung innerhalb F2 (C1xC1; 2 Familien involviert);

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

**Tab.2.10: Fortsetzung.** *Table 2.10: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n Würfe / NK <sup>1)</sup>	Mutter- gewicht g	Würfe/ M. u. Jahr <sup>2)</sup> (S.E.) [SD] n	NK-G/ M. u. Jahr <sup>3)</sup> (S.E.) n	GNK-G/ M. u. Jahr <sup>4)</sup> (S.E.) g	NK-A/ M. u. Jahr <sup>5)</sup> (S.E.) n	NK-A/ M. u. Halb- jahr <sup>6)</sup> n	NK-A/ Woche <sup>7)</sup> n	GNK-A/ M. u. Jahr <sup>8)</sup> (S.E.) g	GNK-A/ M. u. Halbjahr <sup>9)</sup> g
EVELEIGH (1980)	PDH <sup>12)</sup> 1976 PDH 1977 PDH 1978	687 Tiere 632 Tiere 512 Tiere					14.42 15.50 16.82		0.28 0.30 0.32		
VALLE ZARATE (1996) <sup>10)</sup>	29 N-Herkünfte <sup>13)</sup>  min-max	1230 / 2809	634.6 (3.2)  550 - 790	4.16 (.07)  2.9 - 5.0	10.15 (.24)  5.9 - 13.8	919.4 (23.4)  490 - 1490	8.17 (.22)  4.8 - 11.8			1679.6 (46.5)  850 - 2750	
LIZECA (1997) <sup>11)</sup>	BB <sup>14)</sup>  PP <sup>15)</sup>	174  110		  3.08 [0.9]	<i>8a</i>  <i>9b</i>	<i>700a</i>  <i>1100b</i>	<i>6a</i>  <i>7b</i>	2.5  4.0		<i>900a</i>  <i>1500b</i>	<i>350</i>  <i>680</i>

<sup>1)</sup> NK: Nachkommen; <sup>2)</sup> Würfe/M. u. Jahr: Anzahl Würfe pro Muttertier und Jahr; <sup>3)</sup> NK-G/M. u. Jahr: Anzahl geborener Nachkommen pro Muttertier und Jahr (in der Regel lebend geborene); <sup>4)</sup> GNK-G/M. u. Jahr: Gesamtgewicht der Nachkommen bei der Geburt pro Muttertier und Jahr (lebend geborene); <sup>5)</sup> NK-A/M. u. Jahr: Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Jahr; <sup>6)</sup> NK-A/M. u. Halbjahr: Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr; <sup>7)</sup> NK-A/M. u. Woche: Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Woche; <sup>8)</sup> GNK-A / M. u. Jahr: Gesamtgewicht der Nachkommen beim Absetzen pro Muttertier und Jahr; <sup>9)</sup> GNK-A/ M. u. Halbjahr: Gesamtgewicht der Nachkommen beim Absetzen pro Muttertier und Halbjahr;

<sup>10)</sup> Absetzen 21 Tage post partum;

<sup>11)</sup> ; Absetzen 14 Tage post partum

<sup>12)</sup> PDH: Pirbright Dunkin Hartley-Meerschweinchen

<sup>13)</sup> N: Native Meerschweinchen (29 verschiedene Herkünfte);

<sup>14)</sup> BB: Bolivianische Basispopulation (Kreuzung zwischen nativen 29 Herkünften) im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien;

<sup>15)</sup> PP: Peruanische Basispopulation (von Peru nach Bolivien importierte „verbesserte“ peruanische Meerschweinchen) im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ );

*kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen*

**Tab. 2.11: Kreuzungsparameterschätzung nach dem Dickerson-Modell<sup>1)</sup> für Reproduktionsmerkmale bei nativen (bolivianischen) und peruanischen Meerschweinchen mit unterschiedlicher Parameterauswahl in zwei Kreuzungsphasen und in der Wurffolge. Table 2.11: Crossbreeding parameter estimates for reproduction traits in native (Bolivian) and Peruvian guinea pigs by the Dickerson model**

Merkmal	Wurf	Krzgs-phase <sup>2)</sup>	Mo-dell <sup>3)</sup>	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	gnk (S.E.)	hi (S.E.)	hap (S.E.)	hnk (S.E.)
Muttergewicht bei der Anpaarung (g)	1	II	3	548.1 (20.5)	39.8 (17.5)	193.5 (30.0)	n.s.	n.s.	-	n.s.
	2	II	3	693.9 (21.6)	47.0 (19.6)	282.2 (33.9)	n.s.	n.s.	-	n.s.
	3	II	3	722.7 (24.7)	n.s.	330.9 (38.8)	n.s.	n.s.	-	n.s.
	4	II	3	742.7 (22.0)	33.8 (20.0)	338.8 (34.5)	n.s.	n.s.	-	n.s.
	5-7	II	3	789.5 (22.4)	n.s.	383.9 (35.9)	n.s.	n.s.	-	-63.0 (31.6)
Muttergewicht nach dem Werfen (g)	1	I	1	593.9 (18.9)	-	452.0 (27.0)	-81.5 (38.1)	-	-	40.4 (19.0)
		II	1	738.1 (29.8)	-	269.5 (41.7)	n.s.	-	-	n.s.
	2	I	1	647.9 (28.2)	-	551.8 (39.6)	n.s.	-	-	n.s.
		II	1	718.7 (32.9)	-	295.3 (54.3)	n.s.	-	-	n.s.
Wurfgröße bei der Geburt insgesamt (n)	1	I	1	2.49 (0.11)	-	0.51 (0.16)	n.s.	-	-	n.s.
		II	1	2.52 (0.15)	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.
			2	2.45 (0.14)	0.34 (0.12)	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
	2	I	1	2.91 (0.18)	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.
		II	1	3.80 (0.19)	-	n.s.	-1.21 (0.40)	-	-	n.s.
			2	3.53 (0.18)	0.51 (0.17)	-	-0.80 (0.33)	n.s.	-	n.s.
	3	II	2	3.02 (0.20)	n.s.	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
	4	II	2	2.98 (0.19)	n.s.	-	-0.91 (0.30)	n.s.	-	n.s.
	5	II	2	2.97 (0.19)	0.34 (0.13)	-	n.s.	n.s.	-	n.s.

<sup>1)</sup> Dickerson-Modell: siehe Punkt 2.1.1; Koeffizienten in Tab. 3.14

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase I: n=353 für 2 Würfe, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxP; Kreuzungsphase II: n=1491-1526 für 5 Würfe, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxP, Bx(BP,PB), Px (BP,PB), (BP,PB)xP, (BP,PB) x (BP,PB), siehe Tab. 3.3;

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu + gi + gnk + hnk$ ; Modell 2: Genotyp =  $\mu + gm + gnk + hnk + hi$ ; Modell 3: Genotyp =  $\mu + gm + gi + gnk + hnk + hi$ ; Modell 4: Genotyp =  $\mu + gm + gi + gnk + hnk + hi + hap$ ; Modell 5: Genotyp =  $\mu + gnk + hi$ ; ( $\mu$ : LSM BB); n.s.: nicht signifikant ( $p > 0.05$ )

Quelle: eigene Zusammenstellung der Ergebnisse von **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1996)

**Tab.2.11: Fortsetzung.** *Table 2.11: continued*

Merkmal	Wurf	Krzgs- phase <sup>2)</sup>	Mo- dell <sup>3)</sup>	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	gnk (S.E.)	hi (S.E.)	hap (S.E.)	hnk (S.E.)
Wurfgröße bei der Geburt lebend (n)	1	I	1	2.50 (0.10)	-	0.51 (0.15)	n.s.	-	-	n.s.
		II	1	2.47 (0.16)	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.
			2	2.40 (0.14)	0.38 (0.12)	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
	2	I	1	2.57 (0.18)	-	-0.45 (0.25)	0.72 (0.36)	-	-	0.34 (0.18)
		II	1	3.60 (0.17)	-	n.s.	-1.13 (0.36)	-	-	n.s.
			2	3.39 (0.17)	0.38 (0.16)	-	-0.77 (0.31)	n.s.	-	n.s.
	3	II	2	2.98 (0.19)	n.s.	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
Wurfgröße beim Absetzen (14 Tage post partum) (n)	1	I	1	2.44 (0.11)	-	0.50 (0.15)	n.s.	-	-	n.s.
		II	1	2.47 (0.16)	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.
			2	2.36 (0.14)	0.27 (0.12)	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
	2	I	1	2.35 (0.20)	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.
		II	1	3.36 (0.21)	-	n.s.	-0.98 (0.44)	-	-	n.s.
			2	3.18 (0.18)	0.34 (0.17)	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
	3	II	2	2.97 (0.19)	n.s.	-	n.s.	n.s.	-	n.s.
	4	II	2	3.11 (0.18)	n.s.	-	-1.10 (0.31)	n.s.	-	n.s.

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase I: n=353 für 2 Würfe, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxB; Kreuzungsphase II: n=1526 für 5 Würfe, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxB, Bx(BP,PB), Px (BP,PB), (BP,PB)xB, (BP,PB)xP, (BP,PB) x (BP,PB), siehe Tab. 3.3;

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu + gi + gnk + hnk$ ; Modell 2: Genotyp =  $\mu + gm + gnk + hnk + hi$ ; Modell 3: Genotyp =  $\mu + gm + gi + gnk + hnk + hi$ ;  
 Modell 4: Genotyp =  $\mu + gm + gi + gnk + hnk + hi + hap$ ; Modell 5: Genotyp =  $\mu + gnk + hi$ ; ( $\mu$ : LSM BB);  
 n.s.: nicht signifikant ( $p > 0.05$ )

**Tab.2.11: Fortsetzung.** *Table 2.11: continued*

Merkmal	Wurf	Krzgs- phase <sup>2)</sup>	Mo- dell <sup>3)</sup>	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	gnk (S.E.)	hi (S.E.)	hap (S.E.)	hnk (S.E.)
Wurfgewicht bei der Geburt (g)	1	I	1	247.4 (12.7)	-	96.3 (18.2)	n.s.	-	-	n.s.
		II	1 4	280.1 (18.6) 268.2 (15.8)	- 36.1 (14.2)	n.s. n.s.	n.s. 59.7 (26.4)	- n.s.	- n.s.	n.s. n.s.
	2	I	1	258.1 (15.3)	-	77.7 (21.5)	66.6 (31.1)	-	-	n.s.
		II	1 4	326.7 (16.6) 310.4 (15.4)	- n.s.	107.8 (27.3) 67.9 (24.5)	-93.8 (35.4) n.s.	- 53.0 (19.4)	- n.s.	n.s. n.s.
	5	II	4	275.2 (12.6)	31.9 (11.5)	53.8 (20.4)	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Wurfgewicht beim Absetzen (g)	1	I	1	432.9 (21.5)	-	181.1 (30.5)	n.s.	-	-	n.s.
		II	1 4	502.0 (36.7) 467.0 (29.3)	- 54.5 (25.3)	n.s. n.s.	n.s.	- n.s.	- n.s.	n.s. n.s.
	2	I	1	414.0 (41.7)	-	120.9 (57.4)	179.3 (80.9)	-	-	n.s.
		II	1 4	546.1 (37.7) 508.0 (30.9)	- n.s.	155.8 (60.9) 117.8 (48.0)	n.s. n.s.	- n.s.	- n.s.	n.s. n.s.
	4	II	4	447.1 (30.9)	n.s.	123.0 (48.8)	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
	5	II	4	462.2 (26.6)	47.6 (23.7)	127.1 (42.4)	n.s.	-57.0 (18.0)	n.s.	n.s.
Aufzucht- rate (%)	1	II	1 4	100.8 (5.9) 102.5 (3.3)	- n.s.	18.1 (8.3) 11.1 (4.8)	-25.8 (11.4) -13.8 (5.4)	- 4.4 (1.9)	- 3.8 (1.9)	-16.0 (5.7) -16.4 (3.9)
	2	II	1	87.5 (4.7)	-	n.s.	n.s.	-	-	n.s.
	3	II	4	96.0 (3.7)	n.s.	n.s.	-20.1 (6.5)	n.s.	n.s.	n.s.
	4	II	4	88.5 (4.1)	n.s.	17.9 (6.5)	-21.5 (7.4)	5.8 (2.7)	n.s.	n.s.
	5	II	4	80.8 (3.7)	-6.2 (3.4)	20.1 (6.0)	n.s.	n.s.	5.5 (2.5)	n.s.

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase I: n=353 für 2 Würfe, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxB; Kreuzungsphase II: n=1521-1526 für 5 Würfe, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxB, Bx(BP,PB), Px (BP,PB), (BP,PB)xB, (BP,PB)xP, (BP,PB) x (BP,PB), siehe Tab. 3.3;

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu$  + gi + gnk + hnk; Modell 2: Genotyp =  $\mu$  + gm + gnk + hnk + hi; Modell 3: Genotyp =  $\mu$  + gm + gi + gnk + hnk + hi; Modell 4: Genotyp =  $\mu$  + gm + gi + gnk + hnk + hi + hap; Modell 5: Genotyp =  $\mu$  + gnk + hi; ( $\mu$ : LSM BB); n.s.: nicht signifikant ( $p > 0.05$ )

**Tab.2.11: Fortsetzung.** *Table 2.11: continued*

Merkmal	Wurf	Krzgs- phase <sup>2)</sup>	Mo- dell <sup>3)</sup>	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	gnk (S.E.)	hi (S.E.)	hap (S.E.)	hnk (S.E.)
Intervall zwischen Paarung und Wurf (Tage)	1	II	1 4	73.5 (1.2) 73.0 (1.0)	- n.s.	n.s. n.s.	n.s. n.s.	- n.s.	- n.s.	n.s. n.s.
	2	II	1 4	68.0 (1.5) 67.3 (1.2)	- n.s.	n.s. n.s.	n.s. n.s.	- n.s.	- -1.5 (0.7)	n.s. n.s.
	3	II	4	71.8 (1.2)	n.s.	n.s.	n.s.	-2.2 (0.8)	n.s.	n.s.
	4	II	4	70.1 (1.4)	n.s.	6.7 (2.2)	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
	5	II	4	71.1 (1.3)	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	4.6 (1.8)
Würfe/ M. u. Jahr <sup>4)</sup> (n)	1-5	II	5	4.10 (0.19)	-	-	-0.81 (0.32)	0.38 (0.11)	-	-
NK-G/ M. u. Jahr <sup>5)</sup> (n)	1-5	II	5	13.06 (0.77)	-	-	-2.77 (1.32)	1.28 (0.50)	-	-
NK-A/ M. u. Jahr <sup>6)</sup> (n)	1-5	II	5	11.92 (0.73)	-	-	-3.70 (1.25)	1.40 (0.49)	-	-
GNK-G/M.u.Jahr <sup>7)</sup> (g)	1-5	II	5	1236 (81)	-	-	n.s.	n.s.	-	-
GNK-A/M.u.Jahr <sup>8)</sup> (g)	1-5	II	5	2028 (148)	-	-	n.s.	277 (90)	-	-

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase II: n=1433 für 5 Würfe (Intervalldaten), n=358 für Produktivitätsmerkmale, Zuchtgruppen: BxB, PxP, BxP, PxP, Bx(BP,PB), Px (BP,PB), (BP,PB)xP, (BP,PB)xP, (BP,PB) x (BP,PB), siehe Tab. 3.3;

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu$  + gi + gnk + hnk; Modell 2: Genotyp =  $\mu$  + gm + gnk + hnk + hi; Modell 3: Genotyp =  $\mu$  + gm + gi + gnk + hnk + hi; Modell 4: Genotyp =  $\mu$  + gm + gi + gnk + hnk + hi + hap; Modell 5: Genotyp =  $\mu$  + gnk + hi; ( $\mu$ : LSM BB);

<sup>4)</sup> Anzahl Würfe pro Muttertier und Jahr;

<sup>5)</sup> Anzahl geborene Nachkommen pro Muttertier und Jahr;

<sup>6)</sup> Anzahl abgesetzte Nachkommen pro Muttertier und Jahr;

<sup>7)</sup> Gewicht geborener Nachkommen pro Muttertier und Jahr;

<sup>8)</sup> Gewicht abgesetzter Nachkommen pro Muttertier und Jahr

n.s.: nicht signifikant ( $p > 0.05$ )

**Tab. 2.12: Schätzung von Dominanzeffekten und Additiv x Additiv-Interaktionen in % nach dem Kinghorn-Modell, Hypothese X<sup>1)</sup>, für Reproduktionsmerkmale an den Kreuzungen zwischen Inzuchtlinien von S. Wright<sup>2)</sup>. Table 2.12: Dominance effects and additive x additive interactions for reproduction traits in S. Wright's guinea pigs in % by the Kinghorn model, Hypothesis X**

	$\mu$	$D_i$	$D_{nk}$	$Aa_i$	$aa_{nk}$
Anzahl Würfe pro Jahr	0	17.90	-87.68**	-55.27	175.05**
Anzahl geborener Nachkommen/Jahr	0	45.74	-69.46	-57.09	140.61**
Anzahl abgesetzter Nachkommen/Jahr	0	67.93	-96.77	-101.41	217.65**

<sup>1)</sup> genetisches Modell siehe Punkt 2.1.1, Koeffizienten in Tab.3.13;

<sup>2)</sup> Leistungsdaten der verwendeten Zuchtgruppen (I, C0, CA, AC, CC, C1, C2) siehe **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1922b) in Tab. 2.10;

\*\*  $p < 0.01$

Hier nur Merkmale mit signifikanten Dominanz- oder Additiv x Additiv-Interaktionen aufgeführt

Quelle: **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1987a)

**Tab.2.13: Literaturübersicht über Heritabilitätsschätzwerte in Wurfgrößen- und Wurfgewichtsmerkmalen beim Meerschweinchen. Table 2.13: Literature review: Heritability estimates for litter size and litter weight traits in guinea pigs**

Autor	Genotyp	n	Wurfgröße			Wurfgewicht	
			gesamt h <sup>2</sup> (SE)	lebend h <sup>2</sup> (SE)	abgesetzt h <sup>2</sup> (SE)	Geburt h <sup>2</sup> (SE)	Absetzen h <sup>2</sup> (SE)
AREVALO (1982)		1612				0.16 (.08)	0.20 (.08)
BALBIN (1990) <sup>1)</sup>	P-S <sup>3)</sup>	449	0.12 (.11)		0.53 (.22)	0.45 (.17)	0.26 (.17)
LUDENA (1977)		1848 NK <sup>4)</sup>	0.00 (.00)	0.00 (.00)			
RODRIGUEZ & CASTRO (1982)						0.18 (.06)	0.27 (.07)
QUIJANDIRA et al. (1983) <sup>2)</sup>	P <sup>5)</sup>	502	0.10 (.02) T-M <sup>6)</sup> 0.30 (.30) mHG <sup>7)</sup>	0.06 (.02) T-M 0.16 (.31) mHG	0.08 (.02) T-M 0.15 (.31) mHG		
CERON et al. (1998)	P-K <sup>8)</sup>	566	0.15 (.009) R <sup>9)</sup>		0.08 (.005) R	0.16 (.009) R	0.09 (.005) R
LIZECA (1997)	BB <sup>10)</sup>	1440 NK	0.00 (.00)	0.00 (.00)			
			0.01 R	0.05 R			
	PP <sup>11)</sup>	993 NK	0.00 (.00)	0.00 (.00)			
			0.01 R	0.01 R			
MALIK & KOHUN (1987)	Labu <sup>12)</sup>	446	0.65 (.27)				

Methode: Intraclass-Korrelation paternaler Halbgeschwister, andere Methoden sind entsprechend gekennzeichnet;

<sup>1)</sup> Absetzen 10 Tage post partum;

<sup>2)</sup> Absetzen 28 Tage post partum;

<sup>3)</sup> Peruanische Meerschweinchen (Synthetische Linie aus 2 peruanischen Linien);

<sup>4)</sup> NK: Nachkommen;

<sup>5)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen; <sup>6)</sup> Tochter-Mutter-Regression; <sup>7)</sup> maternale Halbgeschwister

<sup>8)</sup> P-K: Peruanische Linie der Universität Nariño, Kolumbien;

<sup>9)</sup> R: REML-Schätzwerte, Vatermodell

<sup>10)</sup> BB: Native bolivianische Linie im Projekt Mejocuy der UMSS Cochabamba, Bolivien; <sup>11)</sup> PP: Peruanische Linie im Projekt Mejocuy der UMSS Cochabamba, Bolivien;

<sup>12)</sup> Linie an der Papua New Guinea University of Technology



### 2.3.2 Gewichts- und Wachstumsleistung

Zu Beginn der Ausführungen sei darauf hingewiesen, dass entsprechend dem vorhergehenden Punkt Reproduktionsleistung, sich auch im Anschluss an den Punkt Gewichts- und Wachstumsleistung Übersichtstabellen über die durchschnittlichen Leistungen verschiedener Linien und Kreuzungen (Tab.2.14 und Tab.2.15), sowie Schätzungen von Kreuzungsparametern (Tab.2.16 und Tab.2.17) und Heritabilitätsschätzwerte (Tab.2.18) befinden.

#### 2.3.2.1 Geburtsgewicht

Das Geburtsgewicht von nativen Meerschweinchen und Labortieren liegt im Durchschnitt zwischen 80 und 100 g, kann aber bei bestimmten Ökotypen und / oder günstigen Umweltbedingungen durchaus darüber sein; das durchschnittliche Geburtsgewicht Peruanischer Meerschweinchen variiert zwischen 105 und 150 g (siehe Tab.2.13).

Die wichtigsten Umwelteffekte stellen die Wurfgröße sowie saisonale Einflüsse (Klima und damit in Verbindung auch Futterquantität und -qualität), der Wurfnummerneffekt, der oft vermengt mit den saisonalen Effekten auftritt, dar (z.B. WRIGHT, 1922a, VALLE ZARATE, 1996, LIZECA, 1997). Das Alter der Mutter ist in den Untersuchungen von WRIGHT (1922a) von keiner Bedeutung. Auch innerhalb Wurf stellt der Autor eine beträchtliche Variation im Geburtsgewicht fest, die nur in ganz geringem Maße genetisch bedingt ist, sondern eher von der Position im Uterus abhängt.

Trotz der bereits durch Inzucht reduzierten Wurfgröße ist auch das Geburtsgewicht bei den Inzuchtlinien von WRIGHT (1922a,b,1977) um 2.3 bis 10.4% niedriger als das der Kontrolllinie. Auch in den Untersuchungen von CICOONA et al. (1994) liegt das Geburtsgewicht ingezüchteter Tiere (90 g) deutlich unter dem der Auszuchten (98 g).

Die Bedeutung der uterinen Umwelt wird an den reziproken Kreuzungen zwischen nativen und peruanischen Meerschweinchen deutlich: Das Geburtsgewicht von F1-Nachkommen einer peruanischen Mutter entspricht annähernd dem peruanischer Reinzuchttiere, F1-Jungtiere mit einer nativen Mutter wiegen nur wenig mehr als native Reinzuchttiere (z.B. GARFIAS, 1993, zitiert nach RICO, 1993; CASTELLON, 1989; MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988).

Während bei MIRANDA (1993) das Geburtsgewicht mit steigendem peruanischen Genanteil zunimmt, sind die Unterschiede zwischen verschiedenen Kreuzungstypen aus denselben Ausgangslinien in der Arbeit von GALINDO (1994) nicht signifikant. Die dem Genotyp des Jungtieres entgegengesetzte uterine Umwelt in den Rückkreuzungsmüttern könnte im letzteren Fall der Grund für eine Leistung sein, die der F3 entspricht.

Die Kreuzungen zwischen den Inzuchtlinien von WRIGHT (1922b) zeigen ein ähnliches Bild wie beim Anteil lebend geborener Jungtiere: Die Jungtiergewichte von Kreuzungsmüttern (AC,CC,C1) sind deutlich höher als die von ingezüchteten. Jedoch scheint der Genotyp der Nachkommen für das Geburtsgewicht eine größere Rolle zu spielen (ca. 1/4) als für den Anteil an lebend geborenen Jungtiere, der dem Autor zufolge als rein maternales Merkmal betrachtet werden kann.

Die Parameterschätzung von KINGHORN (1987a) weist positive signifikante maternale Dominanzeffekte (dm) nach, auf demselben Niveau (8.9%) negative individuelle Dominanzeffekte (di). Positive Additiv x Additiv-Interaktionen der Jungtiere (aai) scheinen jedoch mit ca. 21% von größerer Bedeutung zu sein.

Bei den Kreuzungen zwischen der nativen synthetischen bolivianischen Linie und der peruanischen in den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) sind vor allem maternale Linienun-

terschiede (gm) von Bedeutung, individuelle (gi) konnten nicht immer nachgewiesen werden. Heterosis scheint nicht von Bedeutung zu sein (siehe Tab.2.16).

Die Heritabilitätsschätzwerte für das Geburtsgewicht liegen in der Mehrzahl der Untersuchungen zwischen 0.10 und 0.27 und sind damit in der Tendenz deutlich höher als die entsprechenden Schätzwerte für die Wurfgröße (siehe Tab.2.18).

### **2.3.2.2 Absetzgewicht / Zunahme von der Geburt bis zum Absetzen**

Das Absetzgewicht kann als das Resultat des Geburtsgewichtes lebend geborener Tiere, die bis zum Absetzen überlebt haben, und deren Zuwachs bis zum Absetzen definiert werden. Der Absetzzeitpunkt ist bei den verschiedenen Autoren recht unterschiedlich. Er liegt zwischen 14 (z.B. sämtliche Untersuchungen im Projekt Mejocuy mit Ausnahme der Beschreibung der nativen Herkünfte) und 28 (z.B. frühere Untersuchungen in Peru) bis 33 Tagen (Arbeiten von WRIGHT, 1922a,b). Die Zunahmen bzw. Gewichte sind in der Größenordnung daher recht unterschiedlich zwischen den Autoren. Auch kann durch den Altersunterschied mit einer unterschiedlichen Bedeutung von genetischen und nicht-genetischen Effekten gerechnet werden.

Die im Alter von 14 Tagen abgesetzten Jungtiere können unter günstigen Umweltbedingungen ihr Geburtsgewicht nahezu verdoppeln (z.B. SOLANO,1993; MIRANDA, 1993; GALINDO, 1994), im Alter von einem guten Monat fast verdreifachen. Wie beim Geburtsgewicht haben saisonale Einflüsse, der Gesundheitszustand der Mutter und die Wurfgröße einen bedeutenden Einfluss auf die postnatale Zunahme bis zum Absetzen.

Die Inzuchtdepression beim Zuwachs bis zum Absetzen im Alter von 33 Tagen bzw. beim Absetzgewicht liegen bei 2.5 bis 15.9% bzw. 2.5 bis 13.2%. Auch bei CICOGNA et al. (1994) ist das Absetzgewicht 21 Tage alter Jungtiere bei den Inzuchtlinien (238 g) deutlich gegenüber denen der Auszuchten (264 g) verringert.

Die zum Teil deutliche Differenzierung zwischen Kreuzungsgruppen mit unterschiedlichem peruanischen Genanteil im Geburtsgewicht (MIRANDA, 1993) ist beim Absetzalter von 14 Tagen bei Zuchtgruppen mit mindestens 50% peruanischem Genanteil nicht mehr vorhanden. Bei GALINDO (1994) und MARINO (1981), zitiert nach PEREZ (1988), sind keine signifikanten Unterschiede zwischen den verschiedenen Zuchtgruppen zu finden. Es ist anzunehmen, dass in diesem Falle Umwelteinflüsse i.a. eine große Rolle spielen.

Die Kreuzungseffekte in der postnatalen Zunahme bis zum Absetzen im Alter von 33 Tagen zwischen den Inzuchtlinien von WRIGHT (1922b) entsprechen in etwa denen der Aufzuchtrate, wobei der Genotyp der Nachkommen an Bedeutung zunimmt und dem der Mutter gleichkommt. Kreuzungsnachkommen von Inzuchteltern (C0), haben deutlich höhere Zunahmen als der Durchschnitt der Inzuchtlinien. Wenn zusätzlich noch die Mütter Kreuzungstiere sind (AC, CC, C1), sind die Zunahmen bedeutend höher. Für die recht hohen Zunahmen der Gruppe CA (Kreuzungsväter x Inzuchtmütter) hat der Autor keine Erklärung als eine große Zufallsabweichung.

Bei den von KINGHORN (1987a) geschätzten Kreuzungseffekten (Dominanz- und Epistasieeffekte) an den Daten von WRIGHT (1922b) erreichen nur die individuellen Additiv x Additiv-Interaktionen für die Zunahme bis zum Absetzen (35.8%) und für das Absetzgewicht (24.7%) Signifikanz ( $p < 0.05$ ), siehe Tab.2.17.

Bei den Kreuzungen zwischen den zwei im Gewicht sehr unterschiedlichen, aber nicht ingezüchteten bolivianischen und peruanischen Linien erhält VALLE ZARATE (1996) signifikante maternale Linienunterschiede (gm) zwischen 10 und 41% im Absetzgewicht im Alter von 14 Tagen, und 13 bis 37% in der Zunahme. Individuelle Linienunterschiede (gi) spielen je nach verwendetem Modell und Kreuzungsphase keine Rolle (Kreuzungsphase I, Modell 1) bzw. sind

in drei von 5 Würfen signifikant positiv in der Größenordnung von 7.5 bis 37% gegenüber der bolivianischen Linie. Maternale Heterosis scheint beim Absetzgewicht nicht von Bedeutung zu sein, könnte aber bei der Zunahme bis zum Absetzen eine Rolle spielen: In drei von 5 Würfen war sie in unterschiedlichem Maße positiv, in einem negativ (siehe Tab. 2.16).

Die Heritabilitätsschätzwerte für das Absetzgewicht liegen etwa in gleicher Größenordnung wie beim Geburtsgewicht in Untersuchungen mit ausreichenden Stichprobenumfängen, und zwar zwischen 0.10 und 0.28, zum Teil etwas darüber, zum Teil darunter. Für die Zunahmen zwischen Geburt und Absetzen liegen nur Schätzwerte von einer Arbeit vor (DILLARD et al., 1972). Diese liegen mit 0.40-0.67 auf der Ebene der vom selben Autor geschätzten Werte für das Geburts- und Absetzgewicht (siehe Tab.2.18).

### **2.3.2.3 Gewicht und Zunahmen bis zur Mastmitte und dem Mastende**

Eine festgelegte Mastdauer beim Meerschweinchen gibt es im Grunde genommen nur auf Station. Das Mastende erreichen die Tiere dort im Alter zwischen 12 und 16 Wochen, wobei das Mastendgewicht zwischen und auch innerhalb Linien sehr stark durch Umwelteinflüsse bestimmt wird. Was auf Station als Mastmitte (i.a. 8-Wochen post partum) gilt, kann bei kommerziellen Betrieben schon das Mastende sein. So wiegen die peruanischen Tiere des kommerziellen Züchters Moncayo in Ecuador in diesem Alter bereits 1 kg (MONCAYO, 1993), das vergleichbare Linien auf Station im Durchschnitt noch nicht einmal im Alter von 12 bis 16 Wochen erreichen. Auf Familienbetrieben für den Eigenbedarf werden die Tiere zum Teil auch länger gehalten. Auch für die Meerschweinchen in diesen Haltungen trifft der Begriff „biologische Kühlschränke“ von CHEEKE (1986) für Kaninchen zu.

Bei nativen Meerschweinchen wird im Alter von 8 Wochen i.a. ein Gewicht zwischen 350 und 400 g gemessen, 4 bis 8 Wochen später zwischen 500 und 700 g. Die Peruanische Linie des Projekts Mejocuy in Bolivien wiegt im Alter von 8 Wochen zwischen 500 und 600 g, das 16-Wochen-Gewicht liegt zwischen 800 und 900 g (z.B. LIZECA, 1997; SOLANO, 1993; MIRANDA, 1993). In Peru werden solche Mastendgewichte bei peruanischen Linien bereits im Alter von 13 Wochen gemessen (z.B. CHAUCA et al., 1986; MUSCARI, 1993). Es ist eine beträchtliche Variation sowohl zwischen nativen als auch peruanischen Herkünften zu erkennen (z.B. VALLE ZARATE, 1996; INIPA, 1984, zitiert nach QUIJANDRIA, 1988, SANTOS, 1970, zitiert nach MUSCARI, 1993; MUSCARI, 1993), siehe Tab.2.14.

An Umwelteinflüssen stehen die angebotene Futtermenge und -qualität an erster Stelle. Wurfgrößeneffekte verlieren an Bedeutung, wenn die Tiere aus größeren Würfen die Möglichkeit haben, durch entsprechende Futteraufnahme an Gewicht aufzuholen (z.B. BIRRUETA, 1995). Ab dem Alter von ca. 28 Tagen zeigt sich ein deutlicher Geschlechtsdimorphismus (z.B. VALLE ZARATE, 1996; BIRRUETA, 1995; GALINDO, 1994), wobei die männlichen Tiere, v.a. unter günstigen Umweltbedingungen, deutlich schwerer sind als die weiblichen (vgl. SABA, 1993). Die Besatzdichte als Umwelteffekt gewinnt ab der Mastmitte zunehmend an Bedeutung, zum einen auf Grund des höheren Platzbedarfes durch das eigene Wachstum, zum andern, vor allem bei den Männchen, durch die zunehmenden und ernsteren Rankämpfe, die einen nicht zu vernachlässigenden Sozialstress bedeuten. Kastration (im Alter von 30 Tagen) wird nur sehr vereinzelt in kommerziellen Betrieben (z.B. MONCAYO, 1992), durchgeführt.

Die Bedeutung von Haltungseinflüssen wird insbesondere durch die unterschiedliche Gewichtsentwicklung peruanischer Meerschweinchen in der Arbeit von ALVAREZ (1993) deutlich. Während „normal“ gehaltene Tiere im Alter von 84 Tagen ein Mastendgewicht von 690 g erreichen, wiegen optimal gehaltene Tiere derselben Linie mit vergleichbarem Absetzgewicht zu diesem Zeitpunkt fast doppelt so viel. Sogar Rot1B-Tiere (5/8 Genanteil an der nativen bolivianischen synthetischen Linie, 3/8 Genanteil der Peruanischen Linie) können unter optimalen Haltungsge-

dingungen das Gewicht von 1 kg bei Mastende (112 Tage post partum) erreichen (vgl. BIRRUETA, 1995).

Unzureichende Fütterung scheint sich bei peruanischen Meerschweinchen stärker wachstumsdepressiv auszuwirken als bei der nativen bolivianischen Linie (SABA, 1993). Die Genotyp x Umwelt Interaktion wäre deutlicher zum Ausdruck gekommen, wenn nicht die beiden Faktoren „Feld - Station“ einander gegenübergestellt worden wären, sondern die Faktoren „ausreichende Fütterung - ungenügende Fütterung (inkl. Futterqualität)“, die innerhalb Feld und Station sehr unterschiedlich war.

Bei den Kreuzungsexperimenten zwischen nativen und peruanischen Meerschweinchen kommt bei einigen lassen manche noch bis zum Mastende auf Unterschiede zwischen der reziproken Einfachkreuzung schließen (z.B. GARFIAS, 1993, zitiert nach RICO, 1993). F1-Tiere mit einer peruanischen Mutter können am Mastende ein den peruanischen Reinzuchtieren vergleichbares Gewicht erreichen (MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988). Nach den Untersuchungen von MIRANDA (1993) bedarf es nur eines geringen peruanischen Genanteils (1/4 P), um das Mastendgewicht der nativen bolivianischen synthetischen Linie deutlich zu erhöhen, keine signifikanten Unterschiede bestehen jedoch zwischen Rückkreuzungen (3/4 P) und der peruanischen Reinzuchtlinie. GALINDO (1994) kann keine signifikanten Unterschiede zwischen Zuchtgruppen mit 3/8 bis 5/8 peruanischem Genanteil weder im 8- noch im 16-Wochengewicht feststellen.

Das Gewicht der ingezüchteten Meerschweinchen in den Untersuchungen von CICOGNA et al. (1994) ist sowohl im Alter von 7 als auch von 15 Wochen deutlich (7- 8%) unter dem von ausgezüchteten.

Die Parameterschätzung an den verschiedenen Kreuzungen zwischen der nativen synthetischen bolivianischen und der deutlich schwereren peruanischen Linie von VALLE ZARATE (1996) zeigt deutliche individuelle Linienunterschiede ( $g_i$ ) von 26 bis 42% beim 8-Wochen-Gewicht sowie von 36-55% beim 16-Wochengewicht. Maternale Linienunterschiede ( $g_m$ ) wurden beim 8-Wochen-Gewicht in 4 von 5 Würfen festgestellt (7-20%), beim 16-Wochen-Gewicht nur in der Kreuzungsphase I in einem von zwei Würfen (ca. 24%). Heterosiseffekte scheinen i.a. nicht von Bedeutung zu sein. In einem von 5 Würfen wurde ein positiver individueller Heterosiseffekt ( $h_i$ ) beobachtet, in einem anderen dieser 5 Würfe war der Effekt negativ (siehe Tab.2.16).

Bei den Zunahmen vom Absetzen bis zur Mastmitte und dem Mastende scheinen maternale Linienunterschiede ( $g_m$ ) keine Rolle zu spielen. Individuelle Linienunterschiede sind in allen Würfen und Kreuzungsphasen in beiden Merkmalen von großer Bedeutung. Heterosiseffekte scheinen kaum von Bedeutung zu sein, es treten vereinzelt negative Effekte auf individueller, maternaler und/oder paternaler Ebene auf ( $h_i$ ,  $h_m$ ,  $h_p$ ).

Die Schätzwerte für die Heritabilität gegen Mastmitte und -ende sowie für die Zunahmen zwischen Absetzen und Mastende liegen zwischen 0.12 und 0.51. Sie sind tendenziell höher als beim Absetzen und machen eine Selektion aussichtsreicher als zum Geburts- oder Absetzzeitpunkt (siehe Tab.2.18).

#### **2.3.2.4 Futterverwertung**

Untersuchungen über lokale Futtermittel und Nebenprodukte in Verbindung mit unterschiedlichen Rationsgestaltungen in den verschiedenen Klimazonen der Meerschweinchen haltenden Andenländer liegen zahlreiche vor (z.B. REYES, 1997; FAJARDO, 1997; RIGONI et al., 1994; SARAVIA, 1993; CAYCEDO, 1993; DIAZ, 1993, PROAÑO, 1993; SANTOS, 1990; LIZA, 1989; MEZA, 1988; CHUQUILLANQUI, 1987; MONTERREY, 1985; ESPIRITU, 1978; MOLERO, 1974 und viele andere). Arbeiten zur Untersuchung zwischen genetischen Unter-

schieden zwischen Linien beschränken sich i.a. auf die Futterverwertung und sind in der Zahl sehr begrenzt.

Die Futterverwertung verschlechtert sich mit zunehmendem Alter der Tiere von ca. 3-5 : 1 bis zur Mastmitte und von 3.6-16 : 1 am Mastende in Abhängigkeit von der Mastdauer, dem Genotyp der Tiere und den Versuchsbedingungen (TRUJILLO, 1992; MIRANDA, 1993; ALVAREZ, 1993; BIRRUETA, 1995; INIPA, 1984, zitiert nach QUIJANDRIA, 1988). Bei den vergleichenden Untersuchungen zwischen Genotypen deutet sich, mit einer Ausnahme, eine bessere Futterverwertung der peruanischer Meerschweinchen bzw. der Genotypen mit höherem peruanischen Genanteil gegenüber den nativen bolivianischen an (TRUJILLO, 1992; MIRANDA, 1993; GALINDO, 1994; MIRANDA, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988). Dies trotz der höheren Fettsynthese bei den genetisch schwereren Genotypen (siehe Schlachtleistung). Auch zwischen peruanischen Linien scheint eine bestimmte Variabilität vorhanden zu sein, wie die Untersuchungen von INIPA (1984), zitiert nach QUIJANDRIA (1988) andeuten: Es werden bei den verschiedenen Selektionslinien und der Kontrolle Futterverwertungen zwischen 3.6 und 4.1 : 1 im Mastabschnitt zwischen 4 und 12 Wochen erreicht (siehe Tab.2.15).

Unter optimalen Fütterungs- und Haltungsbedingungen kann bei der peruanischen Linie eine Futterverwertung von deutlich unter 4 erreicht werden. Die Tiere erreichen dabei bereits im Alter von 70 Tagen ein Körpergewicht von über 1 kg (z.B. ALVAREZ, 1993). Auch ohne Zufütterung von Kraftfutter kann bis zum Alter von 70 Tagen eine Futterverwertung zwischen 4 und 5 : 1 erreicht werden (MIRANDA, 1993). Die deutlich schlechteren Ergebnisse von TRUJILLO (1992) im Vergleich zu MIRANDA (1993) können durch die höhere Besatzdichte und den damit zusammenhängenden Sozialstress und / oder eine schlechtere Futterqualität bedingt sein.

**Tab. 2.14: Literaturangaben zur Gewichts- und Wachstumsleistung bei Meerschweinchen. Table 2.14: Literature review: Body weight and growth performance in guinea pigs**

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n1 - n2 <sup>1)</sup>	Geburts- gewicht {PE} [SD] (S.E.) g	Absetz- gewicht {PE} [SD] (S.E.) g	Zunahme G - A <sup>2)</sup> [SD] (S.E.) g	Überl.rate G - A <sup>3)</sup> {PE} [SD] (S.E.) %	Mastmitte- Gewicht [SD] (S.E.) g	Mastend- gewicht [SD] (S.E.) g	Zunahme A - ME <sup>4)</sup> [SD] (S.E.) g	Überl.rate A-ME <sup>5)</sup> %
WRIGHT (1977) <sup>6)</sup> 1910-1915	K <sup>7)</sup> I <sup>8)</sup>	2071 10674	87.2 85.0	237.4 231.5	150.2 146.5	85.6 83.0				
WRIGHT (1922b) <sup>6)</sup> 1916-1919	K I C0 <sup>9)</sup> : I <sub>i</sub> x I <sub>j</sub> CA <sup>10)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x I <sub>k</sub> AC <sup>11)</sup> : I <sub>k</sub> x F1 <sub>ij</sub> CC <sup>12)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x F1 <sub>kl</sub> C1 <sup>13)</sup> : F1 <sub>ij</sub> x F1 <sub>ij</sub> C2 <sup>14)</sup> : F2 <sub>ij</sub> x F2 <sub>ij</sub>	1559 4611 1334 410 571 617 629 182	79.9 { .33} 71.8 { .19} 72.2 { .35} 80.7 { .64} 85.1 { .59} 79.0 { .52} 78.8 { .52} 79.8 { .95}	228.1 {1.32} 197.8 {0.85} 214.2 {1.43} 232.1 {2.45} 240.5 {2.19} 230.3 {2.09} 225.8 {2.07} 235.5 {3.80}	143.5 120.2 135.9 148.2 152.2 148.2 144.1 152.6	83.8 {0.9} 72.1 {0.6} 84.8 {0.9} 91.7 {1.3} 91.4 {1.2} 84.5 {1.4} 82.5 {1.4} 85.5 {2.4}				
WRIGHT (1977) <sup>6)</sup> 1920-1924	K I	1475 5265	91.2 81.7	251.2 218.3	160.0 136.6	84.0 76.0				
CICO GNA et al. (1994) <sup>7)</sup>	Auszuchten Inzuchten	418 - 201 290 - 186	98 (2.0)a 90 (1.9)b	264 (3.0)a 238 (3.3)b		95.9a 87.4b	476 (6.0)a 438 (5.6)b	765 (5.6) 709 (5.8)		98.5a 96.9a
VALLE ZARATE (1996) <sup>8)</sup>	29 N-Herkünfte <sup>17)</sup> min – max	2809-2022	90.4 [16.0] 70-105	205.8 [41.2] 170-255	113.0 [32.5] 90-150	81.7 92-60	374.0 [66.0] 310-450	501.6 [85.8] 430-600	293.4 [79.2] 220-385	85.5

<sup>1)</sup> n1: n maximal (Geburt G), n2: n minimal (Mastende ME); <sup>2)</sup> Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen; <sup>3)</sup> Überlebensrate zwischen Geburt und Absetzen;

<sup>4)</sup> Gewichtszunahme zwischen Absetzen und Mastende; <sup>5)</sup> Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende;

<sup>6)</sup> Absetzen 33 Tage post partum; Index für Korrektur um Wurfgröße; Mittelwerte mit geschätztem wahrscheinlichen Fehler {PE}: PE=0.6745  $\sigma/\sqrt{n}$  bzw. 0.6745  $\sqrt{(p(1-p)/n)}$ ;

<sup>7)</sup> Absetzen 21 Tage post partum, Mastmitte 7 Wochen p.p., Mastende 15 Wochen p.p.

<sup>8)</sup> Absetzen 21 Tage post partum, Mastmitte 8 Wochen p.p., Mastende 16 Wochen p.p.;

<sup>9)</sup> K: Kontrolllinie; <sup>10)</sup> I: Durchschnitt der Inzuchtlinien; <sup>11)</sup> C0: Paarung zwischen Inzuchtfamilien I; <sup>12)</sup> CA: Inzuchtbock x F1-Weibchen (3 Familien involviert); <sup>13)</sup> AC: F1-Bock x Inzuchtweibchen (3 Familien involviert); <sup>14)</sup> CC: F1 x F1 (4 Familien involviert); <sup>15)</sup> C1: Vollgeschwister-Paarung innerhalb F1 (2 Familien involviert); <sup>16)</sup> C2: Vollgeschwister-Paarung innerhalb F2 (C1xC1; 2 Familien involviert); <sup>17)</sup> 29 verschiedene native Herkünfte;

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ ); kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen

**Tab.2.14: Fortsetzung.** *Table 2.14: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	N1 - n2 <sup>1)</sup>	Geburts- gewicht [SD] (S.E.) g	Absetz- gewicht [SD] (S.E.) g	Zunahme G - A <sup>2)</sup> [SD] (S.E.) g	Überl.- rate G - A <sup>3)</sup> %	Mastmitte- Gewicht [SD] (S.E.) g	Mastend- gewicht [SD] (S.E.) g	Zunahme A - ME <sup>4)</sup> [SD] (S.E.) g	Überl.- rate A-ME <sup>5)</sup> %
LIZECA (1997) <sup>6)</sup>	BB <sup>8)</sup>	819	86.8 [20.7]	153.0 [40.5]	63.9 [28.9]	84.5	349.1 [80.1]	515.9 [129.3]	362.6 [123.0]	85.3
	PP <sup>9)</sup>	634	123.9 [28.1]	219.7 [52.7]	91.6 [38.5]	93.2	580.9 [123.3]	890.8 [211.6]	668.7 [203.7]	76.1
SOLANO (1993) <sup>6)</sup>	BB-Altiplano	125-71	81.6 [16.3]	133.0 [31.3]		72.0	307.6 [55.0]	454.1 [76.1]		76.7
	PP-Altiplano	33-19	119.8 [31.1]	190.7 [45.1]		52.2	479.0 [71.6]	732.3 [74.6]		86.4
	BB-Andental	88-80	98.6 [22.1]	174.4 [44.5]		94.3	392.8 [84.6]	576.9 [150.6]		91.6
	PP-Andental	58-43	128.7 [26.5]	208.5 [46.7]		86.2	546.2 [129.3]	853.4 [209.6]		86.0
SABA (1993) <sup>6)</sup>	BB-Feld	103-73	90.0 [20.2]	161.3 [47.0]		97.0	296.6 [72.7]	381.4 [93.4]		54.0
	PP-Feld	82-57	106.7 [25.0]	197.4 [60.2]		95.0	375.3 [91.0]	501.8 [124.1]		85.0
	BB-Station	91-73	87.1 [18.9]	146.0 [32.2]		89.0	338.7 [53.0]	445.3 [67.5]		73.0
	PP-Station	72-38	106.8 [20.1]	182.8 [42.1]		62.5	445.0 [90.2]	577.4 [152.0]		84.5
ALVAREZ (1993) <sup>7)</sup>	PP-normal	444-328	132.1	240.8	111.4	90.3	536.4	690.0	445.5	88.9
	PP-Sonderhaltg <sup>10)</sup>	32		200-270			820.0	1234.6	993.8	100
GARFIAS (1993) Zitiert nach RICO (1993) <sup>8)</sup>	BB		92.7					555.3		
	PB		100.6					652.9		
	BP		123.4					741.4		
	PP		134.4					814.1		

<sup>1)</sup> n1: n maximal (Geburt G), n2: n minimal (Mastende ME); <sup>2)</sup> Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen; <sup>3)</sup> Überlebensrate zwischen Geburt und Absetzen;

<sup>4)</sup> Gewichtszunahme zwischen Absetzen und Mastende; <sup>5)</sup> Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende;

<sup>6)</sup> Absetzen 14 Tage post partum, Mastmitte: 8 Wochen p.p., Mastende 16 Wochen p.p.

<sup>7)</sup> Absetzen 14 Tage post partum, Mastmitte: 8 Wochen p.p., Mastende 12 Wochen p.p.;

<sup>8)</sup> BB: Bolivianische Basispopulation (Kreuzung zwischen nativen 29 Herkünften) im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien;

<sup>9)</sup> PP: Peruanische Basispopulation (von Peru nach Bolivien importierte „verbesserte“ peruanische Meerschweinchen) im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien

<sup>10)</sup> Sonderhaltung: 2 Tiere pro Bucht (0.61m<sup>2</sup>), Wasser und Futter (Luzerne und Konzentrat) ad libitum;

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant (p < 0.05)

**Tab.2.14: Fortsetzung.** *Table 2.14: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n1-n2 <sup>1)</sup>	Geburts- gewicht [SD] g	Absetz- gewicht [SD] g	Zunahme G - A <sup>2)</sup> [SD] g	Überl.r. G - A <sup>3)</sup> %	Mastmit- te- Gewicht g	Mastend- gewicht [SD] g	Zunahme A - ME <sup>4)</sup> [SD] g	Überl.r. A-ME <sup>5)</sup> %
<b>MIRANDA (1993)<sup>6)</sup></b>	BB <sup>9)</sup>	105- 85	89.5a	179.2a		95.3	404.7a	586.4a		85.0
	BBxF1, F1xBB	355-292	109.5b	196.5b		93.8	453.4b	643.1b		87.5
	F1 (BP,PB)	454-336	118.0c	218.1c		91.9	499.4c	730.7c		80.6
	PPxF1, F1xPP	332-268	124.5d	218.3c		95.4	536.1d	792.0d		87.1
	PP <sup>10)</sup>	82- 61	135.3e	224.3c		92.7	574.1e	807.8d		80.3
<b>GALINDO (1994)<sup>6)</sup></b>	Rot1P <sup>11)</sup>	-203	<i>105a</i>	<i>200a</i>			<i>490a</i>	<i>690a</i>		
	F3 <sup>11)</sup>	-199	<i>105a</i>	<i>200a</i>			<i>470a</i>	<i>650a</i>		
	Rot1B <sup>11)</sup>	-196	<i>105a</i>	<i>180a</i>			<i>450a</i>	<i>650a</i>		
<b>BIRRUETA (1995)<sup>6)</sup></b>	Rot1B-Sonderhltg <sup>12)</sup>	12		260.2			691.5	1084.4	824.2	100
<b>CASTELLON (1989)<sup>7)</sup></b>	N <sup>13)</sup>	46 - 39	83.5 [14.3]	215.2 [48.1]	130.5 [38.0]		372.4	544.8 [107.4]	326.8 [112.4]	
	P x N	9 - 9	114.7 [35.0]	304.4 [98.8]	189.7 [67.8]		502.4	807.5 [86.9]	503.2 [38.7]	
	N x P	10 - 10	127.6 [17.8]	358.8 [32.7]	231.3 [25.6]		560.1	803.9 [61.3]	445.1 [71.5]	
	P <sup>14)</sup>	11 - 9	137.5 [16.7]	368.5 [82.1]	231.3 [72.8]		587.2	794.6 [100.5]	418.7 [65.0]	
<b>MARINO (1981) zitiert nach PEREZ (1988)<sup>8)</sup></b>	P		131.7a	269.3a				1118.3a	848.5ab	
	N x P		123.3ab	226.8a				1001.0abc	774.2abc	
	P x N		103.3b	249.6a				911.8cd	662.2bc	
	N		102.1b	205.2a				765.7d	560.5d	

<sup>1)</sup> n1: n maximal (Geburt G), n2: n minimal (Mastende ME); <sup>2)</sup> Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen; <sup>3)</sup> Überlebensrate zwischen Geburt und Absetzen;

<sup>4)</sup> Gewichtszunahme zwischen Absetzen und Mastende; <sup>5)</sup> Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende;

<sup>6)</sup> Absetzen 14 Tage post partum, Mastmitte: 8 Wochen p.p., Mastende 16 Wochen p.p.;

<sup>7)</sup> Absetzen 4 Wochen post partum; Mastmitte 8 Wochen p.p., Mastende 13 Wochen p.p.;

<sup>8)</sup> Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 15 Wochen p.p.; Fütterung mit 20% Rohprotein;

<sup>9)</sup> BB: Bolivianische Linie, Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien; <sup>10)</sup> PP: Peruanische Linie, Projekt Mejocuy; UMSS Cochabamba, Bolivien;

<sup>11)</sup> Rot1P: PPxRKB; Rot1B: BBxRKB, F3: (BP,PB)3, siehe Tab.3.3; <sup>12)</sup> Sonderhaltung: 2 Tiere pro Bucht (0.61m<sup>2</sup>), Wasser und Futter (Luzerne und Konzentrat) ad libitum;

<sup>13)</sup> N: Native Meerschweinchen; <sup>14)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen;

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant (p < 0.05); *kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen*



**Tab.2.14: Fortsetzung.** *Table 2.14: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n1 - n2 <sup>1)</sup>	Geburts- gewicht g	Absetz- gewicht g	Zunahme G - A <sup>2)</sup> g	Überl.rate G - A <sup>3)</sup> %	Mastmitte- Gewicht g	Mastend- gewicht g	Zunahme A - ME <sup>4)</sup> g	Überl.rate A-ME <sup>5)</sup> %
<b>Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden. &amp; CAYCEDO (1977)<sup>6)</sup></b>	P <sup>10)</sup>		200	400				850		
	N <sup>11)</sup>		80	200				330		
	P x N		160	370				600		
INIPA (1984) zit. nach QUIJANDRIA (1988) <sup>7)</sup>	N1		117.6	268.4			383.3	783.7		
	N2		87.4	263.6			356.7	458.9		
	N2 x P		104.5	297.3			427.7	539.5		
	P		150.7	405.5			634.6	829.6		
INIPA (1985) zit. nach ALIAGA B. (1990) <sup>8)</sup>	P		148.4	458.9			860.8	1091.3		
	N-T <sup>12)</sup>		117.6	268.4			383.3	483.7		
	P x N-T		123.5	393.4			582.6	795.4		
	N-M <sup>13)</sup> x N-M		87.4	263.6			356.7	458.9		
OLIVO zitiert nach CHAUCA (1993b) <sup>9)</sup>	P x N-M		146.5	260.4			429.6	626.2		
	N		127.3	257.7	130.4			637.7	380.0	
	P		145.8	298.9	153.1			853.9	555.0	
	N x P		137.6	288.4	150.8			847.8	559.4	
FUNDACION 4-F zitiert nach CHAUCA (1993a) <sup>9)</sup>	N		80.0	200.0				330.0		
	P		131.8	364.7				850.0		
	N x P		130.0	350.0				550.0		

<sup>1)</sup> n1: n maximal (Geburt G), n2: n minimal (Mastende ME); <sup>2)</sup> Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen; <sup>3)</sup> Überlebensrate zwischen Geburt und Absetzen;

<sup>4)</sup> Gewichtszunahme zwischen Absetzen und Mastende; <sup>5)</sup> Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende;

<sup>6)</sup> Mastende 3 Monate post partum;

<sup>7)</sup> Mastmitte 8 Wochen p.p.; Mastende 13 Wochen p.p.;

<sup>8)</sup> Absetzen 4 Wochen post partum; Mastmitte 8 Wochen p.p.; Mastende 13 Wochen p.p.;

<sup>9)</sup> Mastende 3 Monate post partum

<sup>10)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen; <sup>11)</sup> N: Native Meerschweinchen;

<sup>12)</sup> Native Meerschweinchen aus der Provinz Tacna, Peru; <sup>13)</sup> Native Meerschweinchen aus der Provinz Matucana, Peru;

**Tab.2.14: Fortsetzung.** *Table 2.14: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n1 - n2 <sup>1)</sup>	Geburts- gewicht [SD] g	Absetz- gewicht [SD] g	Zunahme G - A <sup>2)</sup> g	Überl.rate G - A <sup>3)</sup> %	Mastmitte- Gewicht [SD] g	Mastend- gewicht [SD] g	Zunahme A - ME <sup>4)</sup> g	Überl.rate A-ME <sup>5)</sup> %
MUSCARI (1993) <sup>6)</sup>	N <sup>10)</sup> P <sup>11)</sup> x N P x (PxN)		119.1 125.8 151.2	236.5 305.0 362.7	117.4 179.2 211.4			401.4 477.5 531.4	164.9 172.5 168.8	
CHAUCA (1993a) <sup>7)</sup>	N P x (PxN)		131.6 [32.6] 151.3 [42.6]	185.1 [42.2] 257.8 [44.4]			519.7 [106.1] 689.4 [111.9]	723.0 [108.7] 896.3 [100.7]		
ALIAGA B. (1990) <sup>8)</sup>	P1 x N	55	82.8 [25.0]b	160.9 [36.1]b		81.8		565.6a		87.3
	P2 x N	52	90.6 [23.3]ab	171.3 [31.4]b		84.6		553.3a		100
	P3 x N	50	99.1 [26.6]a	198.6 [35.3]a		94.0		580.9a		92.0
	P4 x N	41	99.4 [24.7]a	210.1 [44.5]a		87.8		590.5a		97.6
	P1 x (P1xN)	45	112.2 [17.3]a	236.1 [38.5]a		86.7		927.4ab		100
	P2 x (P2xN)	38	109.8 [16.5]a	220.0 [35.5]a		92.1		897.2b		89.5
	P3 x (P3xN)	29	118.5 [18.5]a	247.5 [45.8]a		86.2		898.2a		79.3
	P4 x (P4xN)	26	112.9 [23.6]a	247.7 [69.6]a		84.6		973.8a		92.3
CHAUCA et al. (1986) <sup>9)</sup>	N-Küste P x N-Küste N-Hochland P x N-Hochland P	195						481.0 [15.4] 614.0 [20.0] 459.0 [15.4] 794.0 [17.23] 870.9 [9.38]		

<sup>1)</sup> n1: n maximal (Geburt G), n2: n minimal (Mastende ME); <sup>2)</sup> Gewichtszunahme zwischen Geburt (G) und Absetzen (A); <sup>3)</sup> Überlebensrate zwischen Absetzen und Mastende;

<sup>4)</sup> Gewichtszunahme zwischen Absetzen (A) und Mastende (ME); <sup>5)</sup> Überlebensrate vom Absetzen (A) bis zum Mastende (ME);

<sup>6)</sup> Absetzen: hier 4-Wochengewicht; Mastende: hier 8-Wochengewicht;

<sup>7)</sup> Absetzen: hier Gewicht 1 Woche post partum; Mastmitte 8 Wochen p.p., Mastende 13 Wochen p.p.;

<sup>8)</sup> Absetzen 15 Tage post partum, Mastende 12 Wochen p.p.;

<sup>9)</sup> Mastende 13 Wochen p.p.;

<sup>10)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen; 11) N: Native Meerschweinchen;

**Tab.2.14: Fortsetzung.** *Table 2.14: continued*

Autor	Genotyp/ Paarungstyp	n1 - n2 <sup>1)</sup>	Geburts- gewicht [SD] g	Absetz- gewicht [SD] g	Zunahme G - A <sup>2)</sup> g	Überl.rate G - A <sup>3)</sup> %	Mastmitte- Gewicht g	Mastend- gewicht g	Zunahme A - ME <sup>4)</sup> g	Überl.rate A-ME <sup>5)</sup> %
SANTOS (1970) zitiert nach MUSCARI (1993) <sup>6)</sup>	C <sup>10)</sup> A <sup>11)</sup> A x C C x A							682 572 642 607		
ZEVALLOS (1985) zit. nach ALIAGA B. (1990) <sup>7)</sup>	3 P <sup>12)</sup> Kreuzg zw. 3 P		136.2 [23.1] 136.4 [27.3]	213.2 [43.2] 210.3 [41.1]				627.4a 681.8b		
MUSCARI (1993) <sup>8)</sup>	P-Perú <sup>13)</sup> P-Andina <sup>14)</sup> P-Inti <sup>15)</sup>		149 111 133	352 256 295			726 577 683	964 785 960		
LOPEZ (1993) <sup>9)</sup>	P <sup>16)</sup>	30							582.9a	
	Macabeo <sup>17)</sup>	30							547.8a	
	P	30							621.3a	
	Macabeo	30							573.9b	
REQUE (1972) <sup>6)</sup>	CH <sup>18)</sup>		117.7	299.1a				646.0		
	L <sup>19)</sup>		117.7	271.9b				650.8		

<sup>1)</sup> n1: n maximal (Geburt G), n2: n minimal (Mastende ME); <sup>2)</sup> Gewichtszunahme zwischen Geburt (G) und Absetzen (A); <sup>3)</sup> Überlebensrate zwischen Absetzen und Mastende;

<sup>4)</sup> Gewichtszunahme zwischen Absetzen (A) und Mastende (ME); <sup>5)</sup> Überlebensrate vom Absetzen (A) bis zum Mastende (ME);

<sup>6)</sup> Mastende 13 Wochen p.p.; <sup>7)</sup> Mastende 8 Wochen post partum; <sup>8)</sup> Absetzen 14 Tage post partum; Mastmitte: 8 Wochen p.p.; Mastende 13 Wochen p.p.;

<sup>9)</sup> Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 74 Tage p.p.;

<sup>10)</sup> C: Native Meerschweinchen aus der Provinz Cajamarca, Peru; <sup>11)</sup> Native Meerschweinchen aus der Provinz Arequipa, Peru; <sup>12)</sup> Durchschnitt dreier peruanischer Linien;

<sup>13)</sup> P-Perú: Peruanische Linie, selektiert auf Frühreife (schnelles Wachstum); <sup>14)</sup> P-Andina: Peruanische Linie, selektiert auf Wurfgröße; <sup>15)</sup> P-Inti: Peruanische Linie, selektiert auf schnelles Wachstum und Wurfgröße; <sup>16)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen; <sup>17)</sup> Macabeo: in Ecuador seit Generationen selektiertes natives Meerschweinchen, das aus den Provinzen Tungurahua und Loja, Ecuador, stammt; <sup>18)</sup> CH: Native Meerschweinchen aus der Gegend Chota-Cutervo, Nordperu; <sup>19)</sup> L: Natives Meerschweinchen aus der Gegend Lambayeque, Nordperu;

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

**Tab. 2.15: Literaturübersicht über die Futterverwertung verschiedener Meerschweinchenherkünfte in verschiedenen Altersabschnitten.**  
**Table 2.15: Literature review: Food conversion of guinea pig strains in different age classes**

Autor Altersabschnitte	Genotyp	n	Futterverwertung								
			14-28	28-42	42-56	56-70	70-84	84-98	98-112	A - ME <sup>1)</sup>	14-70
TRUGILLO (1992) <sup>2)</sup>	BB <sup>8)</sup>	50	4.0-4.7	7.2-7.3	12.9-10.4	13.5-10.9	13.9-15.2	15.0-14.3	15.5-16.1	11.5	
	PP <sup>9)</sup>	50	3.5-4.2	5.3-5.4	8.4-8.5	9.5-9.0	12.5- 9.7	13.9-13.0	12.6-13.6	9.3	
GARFIAS (1993) zitiert nach RICO (1993) <sup>3)</sup>	BB									7.7	
	PB									7.0	
	BP									6.7	
	PP									8.3	
MIRANDA (1993) <sup>4)</sup>	BB	12	3.47	4.06	5.48	8.03a	9.41a	10.41	10.83	7.38	5.26
	BBxF1, F1xBB	48	3.02	3.64	5.09	7.58ab	7.48ab	10.77	10.85	6.92	4.83
	F1 (BP, PB)	72	3.26	3.98	6.36	6.68abc	7.23b	8.63	10.87	6.72	5.07
	PPxF1, F1xPP	48	2.80	3.83	5.57	6.25bc	6.75bc	10.09	9.37	6.38	4.61
	PP	12	2.55	3.57	5.11	5.36c	4.92c	11.60	10.87	6.28	4.15
ALVAREZ (1993) <sup>5)</sup>	PP	32	2.64-2.90	3.17-3.47	3.81-4.06	4.27-4.57	4.88-5.16			3.89	3.61
GALINDO(1994) <sup>6)</sup>	Rot1P <sup>10)</sup>	24								9.8	
	F3 <sup>10)</sup>	24								10.9	
	Rot1B <sup>10)</sup>	24								10.6	
BIRRUETA (1995) <sup>7)</sup>	Rot1B	10	3.94-3.70	3.82-3.98	4.15-4.34	4.56-4.79	5.11-5.55	5.89-6.14	6.41-6.61	4.93	4.16

<sup>1)</sup> Vom Absetzen bis zum Mastende

<sup>2)</sup> Fütterung Luzerne, 5 Tiere pro Versuchsbucht, Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 112 Tage p.p.

<sup>3)</sup> Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 112 Tage p.p.

<sup>4)</sup> Fütterung Luzerne, 3 Tiere pro Versuchsbucht, Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 112 Tage p.p.

<sup>5)</sup> Fütterung Luzerne und Konzentrat, 2 Tiere pro Versuchsbucht, Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 84 Tage p.p.

<sup>6)</sup> Fütterung Luzerne, 3 Tiere pro Versuchsbucht, Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 112 Tage p.p.;

<sup>7)</sup> Fütterung Luzerne und Konzentrat, 2 Tiere pro Versuchsbucht, Absetzen 14 Tage post partum; Mastende 112 Tage p.p.

<sup>8)</sup> Bolivianische Linie des Projekts Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien; <sup>9)</sup> Peruanische Linie des Projekts Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien

<sup>10)</sup> Rot1P: PPxRKB; Rot1B: BBxRKP; F3: (BP,PB)<sub>3</sub>, siehe Tab.3.3

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ ); *kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen.*

**Tab.2.15: Fortsetzung.** *Table 2.15: continued*

Autor Altersabschnitte	Genotyp	n	Futtermittelnutzung								A – ME <sup>1)</sup>	14-70
			14-28	28-42	42-56	56-70	70-84	84-98	98-112			
INIPA (1984) zitiert nach <b>QUIJANDIRIA</b> (1988) <sup>2)</sup>	Perú <sup>4)</sup>									3.81		
	Andina <sup>5)</sup>									4.09		
	Inti <sup>6)</sup>									4.05		
	Kontrolle									3.58		
MARINO (1981) zitiert nach <b>PEREZ</b> (1988) <sup>3)</sup>	P <sup>7)</sup> -20 <sup>9)</sup>									5.3b		
	P-15 <sup>10)</sup>									5.7b		
	N <sup>8)</sup> x P-20									5.6b		
	N x P-15									5.2b		
	P x N-20									6.9ab		
	P x N-15									6.0b		
	N x N-20									8.0a		
	N x N-15									6.9ab		

<sup>1)</sup> Vom Absetzen bis zum Mastende;

<sup>2)</sup> Untersuchung 4 bis 12 Wochen post partum;

<sup>3)</sup> Untersuchung 2 bis 15 Wochen post partum;

<sup>4)</sup> Perú: Peruanische Linie, selektiert auf Frühreife (schnelles Wachstum);

<sup>5)</sup> Andina: Peruanische Linie, selektiert auf Wurfgröße;

<sup>6)</sup> Inti: Peruanische Linie, selektiert auf schnelles Wachstum und Wurfgröße;

<sup>7)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen

<sup>8)</sup> N: Native Meerschweinchen

<sup>9)</sup> -20: Ration mit 20% Rohprotein; 10) -15: Ration mit 15% Rohprotein;

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant (p<0.05)

**Tab. 2.16: Kreuzungsparameterschätzung nach dem Dickerson-Modell<sup>1)</sup> für Wachstumsmerkmale bei nativen (bolivianischen) und peruanischen Meerschweinchen mit unterschiedlicher Parameterauswahl in zwei Kreuzungsphasen und in der Wurffolge. Table 2.16: Cross-breeding parameter estimates for body weight and for growth traits in native (Bolivian) and Peruvian guinea pigs by the Dickerson model**

Merkmal	Wurf	Krzs- phase <sup>2)</sup>	Mo- dell <sup>3)</sup>	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	hi (S.E.)	hm (S.E.)	Hp (S.E.)
Geburtsgewicht (g)	1	I abs. <sup>4)</sup>	1	98.4 (2.0)	18.2 (2.6)	11.9 (3.6)	n.s.	-	-
		I % <sup>5)</sup>	1		18.5	12.1		-	-
		II %	1		10.3	14.5	n.s.	-	-
	2	I abs.	1	84.8 (3.4)	32.2 (4.0)	20.6 (5.9)	-6.1 (3.0)	-	-
		I %	1		38.0	24.3	-7.2	-	-
		II %	1		30.2	n.s.	n.s.	-	-
14-Tage-Gewicht (g)	1	I abs.	1	180.9 (4.2)	29.8 (5.6)	n.s.	7.6 (3.8)	-	-
		I %	1		16.5	n.s.	4.2	-	-
		II %	1		10.3	14.5	n.s.	-	-
		II %	2		10.1	n.s.	7.0	6	n.s.
	2	I abs.	1	163.9 (7.7)	66.9 (9.0)	n.s.	n.s.	-	-
		I %	1		40.8	n.s.	n.s.	-	-
		II %	1		32.8	n.s.	n.s.	-	-
		II %	2		26	n.s.	n.s.	n.s.	5
	3	II %	2		15	16.5	n.s.	-6	n.s.
	4	II %	2		22	37	n.s.	n.s.	n.s.
	5	II %	2		22	7.5	n.s.	-1	n.s.

<sup>1)</sup> Dickerson-Modell: siehe Punkt 2.1.1; Koeffizienten in Tab. 3.14

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase I: n=998-838 für 2 Würfe, Zuchtgruppen: BB, PP, BP, PB; Kreuzungsphase II: n=4268-3921 für 5 Würfe, Zuchtgruppen: BB, PP, BP, PB, reziproke RKB und RKP, (BP,PB)2, siehe Tab. 3.3

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu + gm + gi + hi$ ; Modell 2: Genotyp =  $gm + gi + hi + hm + hp$ ; ( $\mu$ : LSM BB); Koeffizienten siehe Tab.3.14;

<sup>4)</sup> abs.: Kreuzungsparameter absolut; <sup>5)</sup> % Kreuzungsparameter in % von  $\mu$

kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen; n.s.: nicht signifikant ( $p > 0.05$ )

Quelle: eigene Zusammenstellung der Ergebnisse von **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1996)

**Tab. 2.16 Fortsetzung.** *Table 2.16: continued*

Merkmal	Wurf	Krzgs- phase <sup>2)</sup>	Mo- dell <sup>3)</sup>	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	hi (S.E.)	hm (S.E.)	hp (S.E.)
Zunahme von Geburt bis Absetzen (0 - 14 Tage)	1-2	I abs	1	77.3 (3.3)	28.2 (3.4)	n.s.	n.s.	-	-
	1	II abs	2	87.9 (4.0)	11.2 (5.1)	n.s.	14.4 (5.0)	12.5 (2.4)	n.s.
	2	II abs	2	69.3 (3.5)	20.2 (4.8)	n.s.	n.s.	6.2 (2.3)	n.s.
	3	II abs	2	83.6 (3.7)	n.s.	15.7 (6.9)	n.s.	n.s.	n.s.
	4	II abs	2	60.4 (3.8)	15.2 (5.3)	23.9 (7.2)	n.s.	5.5 (2.6)	n.s.
	5	II abs	2	83.0 (4.9)	23.5 (7.0)	n.s.	n.s.	-12.7 (3.3)	n.s.
56-Tage-Gewicht (g) Mastmitte	1	I abs. <sup>4)</sup>	1	368.7 (9.5)	n.s.	129.6 (17.6)	32.6 (8.7)	-	-
		I % <sup>5)</sup>	1		n.s.	35.2	8.8	-	-
		II %	1		n.s.	38.9	9.0	-	-
		II %	2		n.s.	35	8	n.s.	n.s.
	2	I abs.	1	375.1 (11.0)	85.3 (13.8)	114.5 (19.4)	n.s.	-	-
		I %	1		22.7	30.5	n.s.	-	-
		II %	1		16.8	32.6	n.s.	-	-
		II %	2		20	26	n.s.	n.s.	n.s.
	3	II %	2		7	31.5	n.s.	n.s.	n.s.
	4	II %	2		8	42	n.s.	n.s.	n.s.
	5	II %	2		11.5	42	-13	-4	-7
112-Tage-Gewicht (g) Mastende	1	I %	1		n.s.	41.7	n.s.	-	-
		II %	1		n.s.	55.5	10.8	-	-
	2	I %	1		23.6	36.2	n.s.	-	-
		II %	1		n.s.	36.2	n.s.	-	-

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase I: n=836-732 für 2 Würfe, Zuchtgruppen: BB, PP, BP, PB; Kreuzungsphase II: n=3886-3064 für 5 Würfe, Zuchtgruppen: BB, PP, BP, PB, reziproke RKB und RKP, (BP,PB)2, siehe Tab. 3.3

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu$  + gm + gi + hi; Modell 2: Genotyp = gm + gi + hi + hm + hp; ( $\mu$ : LSM BB); Koeffizienten siehe Tab.3.14;

<sup>4)</sup> abs.: Kreuzungsparameter absolut; <sup>5)</sup> % Kreuzungsparameter in % von  $\mu$ ;

*kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen; n.s.: nicht signifikant (p>0.05)*

**Tab. 2.16 Fortsetzung.** *Table 2.16: continued*

Merkmal	Wurf	Krzgs- phase <sup>2)</sup>	Mo- dell <sup>3)</sup>	n	$\mu$ (S.E.)	gm (S.E.)	gi (S.E.)	hi (S.E.)	hm (S.E.)	hp (S.E.)
Zunahme vom Absetzen bis Mastmitte (14 - 56 Tage)	1-2	I abs. <sup>4)</sup>	1		191.4 (7.1)	n.s.	102.3 (10.6)	20.8 (5.2)	-	-
	1	II abs.	2		223.4 (11.1)	n.s.	138.3 (19.5)	n.s.	n.s.	n.s.
	2	II abs.	2		214.8 (6.3)	36.8 (8.5)	81.8 (11.6)	n.s.	-10.8 (4.1)	n.s.
	3	II abs.	2		198.2 (6.6)	n.s.	89.7 (12.5)	n.s.	n.s.	9.6 (4.4)
	4	II abs.	2		193.4 (7.3)	n.s.	80.1 (13.8)	n.s.	-11.4 (5.0)	-11.4 (4.9)
	5	II abs.	2		195.3 (10.2)	n.s.	136.5 (18.6)	-45.0 (14.1)	n.s.	-27.2 (6.7)
Zunahme von Mastmitte bis -ende (56 - 112 Tage)	1-2	I abs.	1		159.2 (8.6)	n.s.	100.1 (12.6)	n.s.	-	-
	1	II abs.	2		140.7 (13.8)	n.s.	148.4 (24.1)	n.s.	n.s.	n.s.
	2	II abs.	2		130.7 (8.4)	n.s.	99.3 (15.5)	n.s.	-13.8 (5.4)	n.s.
	3	II abs.	2		105.3 (10.2)	n.s.	89.8 (19.1)	n.s.	n.s.	22.8 (6.7)
	4	II abs.	2		129.4 (10.3)	n.s.	62.5 (20.0)	-44.8 (14.9)	-19.0 (7.2)	n.s.
	5	II abs.	2		122.1 (14.9)	n.s.	70.2 (25.9)	n.s.	n.s.	n.s.
Zunahme von Geburt bis Mastende (0- 112 Tage)	1-2	I abs.	1		430.6 (12.3)	41.6 (13.0)	202.7 (18.0)	18.8 (8.8)	-	-
	1	II abs.	2		451.9 (22.9)	n.s.	278.4 (39.9)	n.s.	n.s.	n.s.
	2	II abs.	2		418.0 (10.8)	55.6 (14.5)	184.7 (19.9)	n.s.	-21.3 (7.0)	n.s.
	3	II abs.	2		383.6 (13.4)	n.s.	203.9 (25.1)	n.s.	n.s.	37.0 (8.8)
	4	II abs.	2		377.9 (13.2)	42.7 (18.4)	161.0 (25.7)	-41.8 (19.1)	-23.2 (9.2)	n.s.
	5	II abs.	2		386.8 (18.3)	n.s.	237.3 (31.7)	n.s.	n.s.	n.s.

<sup>2)</sup> Kreuzungsphase I: n=732-730 für 2 Würfe, Zuchtgruppen: BB, PP, BP, PB; Kreuzungsphase II: n=3051-3061 für 5 Würfe, Zuchtgruppen: BB, PP, BP, PB, reziproke RKB und RKP, (BP,PB)2, siehe Tab. 3.3

<sup>3)</sup> Modell 1: Genotyp =  $\mu$  + gm + gi + hi; Modell 2: Genotyp = gm + gi + hi + hm + hp; ( $\mu$ : LSM BB); Koeffizienten siehe Tab.3.14;

<sup>4)</sup> abs.: Kreuzungsparameter absolut;

*kursiv: Zahlen entnommen aus Abbildungen; n.s.: nicht signifikant (p>0.05)*



**Tab. 2.17: Schätzung von Dominanzeffekten und Additiv x Additiv Interaktionen in % nach dem Kinghorn-Modell, Hypothese X<sup>1)</sup>, für Gewichts- und Wachstumsmerkmale an den Kreuzungen zwischen Inzuchtlinien von S. Wright<sup>2)</sup>. *Table 2.17: Dominance effects and additive x additive interactions for body weight and growth traits in S. Wright's guinea pigs in % by the Kinghorn model, Hypothesis X***

	$\mu$	$d_m$	$d_i$	$aa_m$	$aa_i$
Geburtsgewicht	0	8.92*	-8.88*	-7.61	20.97**
Absetzgewicht (33 Tage post partum)	0	3.62	-4.48	-4.22	24.68*
Zunahme von Geburt bis Absetzen	0	2.79	-6.72	-6.51	35.83*

<sup>1)</sup> genetisches Modell siehe Punkt 2.1.1, Koeffizienten in Tab.3.13;

<sup>2)</sup> Leistungsdaten siehe **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1922b) in Tab. 2.11, verwendete Zuchtgruppen:I, C0, CA, AC, CC, C1,C2;

\*  $p < 0.05$ ; \*\*  $p < 0.01$

Hier nur Merkmale mit signifikanten Dominanz- oder Additiv x Additiv Interaktionen aufgeführt

Quelle: **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** (1987a)

**Tab.2.18: Literaturübersicht über Heritabilitätsschätzwerte für Gewichts- und Wachstumsmerkmale beim Meerschweinchen. Table 2.18**  
*Literature review: Heritability estimates for body weight and growth traits in guinea pigs*

Autor	Genotyp	n	Geburt (G) h <sup>2</sup> (S.E.)	Absetzen (A) h <sup>2</sup> (S.E.)	Tiergewicht Mastmitte h <sup>2</sup> (S.E.)	Mastende (ME) h <sup>2</sup> (S.E.)	G - A h <sup>2</sup> (S.E.)	Zunahme A - ME h <sup>2</sup> (S.E.)	G - ME h <sup>2</sup> (S.E.)
VACCARO et al. (1968) <sup>1)</sup>	N <sup>6)</sup>	901	0.58 (.10)	0.39 (.08)					
DILLARD et al. (1972) <sup>1)</sup>	C <sup>7)</sup>	1192	0.15 (.12)				0.40 (.14)	0.27 (.12)	0.48 (.15)
	A <sup>8)</sup>	473	0.51 (.26)				0.67 (.27)	0.08 (.13)	0.37 (.19)
	C und A	1665	0.25 (.11)	0.49 (.13)		0.52 (.13)	0.46 (.13)	0.25 (.10)	0.48 (.12)
CASTRO (1974) <sup>1)</sup>		842	0.16 (.07)	0.20 (.08)		0.33 (.08)			
LUDENA (1977) <sup>1)</sup>	C	1848				1.32 (.11)			
CHAVEZ (1979), zitiert nach CHAVEZ (1993) <sup>1)</sup>			0.24 (.05)	0.07 (.03)		0.58 (.08)			
QUIJANDRIA et al. (1983a) <sup>1)</sup>	P <sup>9)</sup>	3192	0.02 (.04)	0.10 (.04)		0.17 (.05)			
CARDENAS (1985)			0.14	0.28					
ERGUETA (1990) <sup>2)</sup>	P	137	0.16 (.22)	0.45 (.39)					
LIZECA (1990) <sup>2)</sup>	BB <sup>10)</sup>	181	0.04 (.12)	0.40 (.39)					
LIZECA (1997) <sup>3)</sup>	BB	1440	0.00 (.00) 0.12 R <sup>12)</sup>	0.07 (.07) 0.06 R	0.26 (.10) 0.31 R	0.12 (.10) 0.03 R			
	PP <sup>11)</sup>	993	0.13 (.06) 0.12 R	0.17 (.08) 0.14 R	0.37 (.15) 0.37 R	0.19 (.12) 0.34 R			
CERON et al. (1998)	P	1631	0.27 (.005) R	0.24 (.005)R					
VITERI (1993) <sup>4)</sup>	P	2407	0.18 (.09)	0.11 (.08)		0.39 (.06)			
OJEDA et al. (1987) <sup>5)</sup>		120 W						0.51	

Schätzmethode: paternale Halbgeschwister, Ausnahmen sind entsprechend gekennzeichnet;

<sup>1)</sup> Absetzen 28 Tage post partum; Mastende 13 Wochen post partum; <sup>2)</sup> Absetzen 21 Tage post partum, Mastmitte 56 Tage p.p., Mastende 112 Tage p.p.; <sup>3)</sup> Absetzen 14 Tage post partum; Mastmitte 56 Tage p.p., Mastende 112 Tage p.p.; <sup>4)</sup> Absetzen 15 Tage post partum; Mastende 3 Monate p.p.; <sup>5)</sup> Absetzen 30 Tage post partum, Mastende 90 Tage p.p., Zunahme zwischen Absetzen und Mastende hier pro Tag; <sup>6)</sup> Native Meerschweinchen aus verschiedenen Gegenden Perus; <sup>7)</sup> C: Ökotyp (native Meerschweinchen) aus der Provinz Cajamarca, Peru; <sup>8)</sup> A: Ökotyp aus Arequipa, Peru; <sup>9)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen;

<sup>10)</sup> Bolivianische (native) Linie im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien; <sup>11)</sup> PP: Peruanische Linie im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien; <sup>12)</sup> R: REML-Schätzwerte;

### 2.3.3 Schlachtleistung

Zum Schlachtkörper des Meerschweinchens zählen in der Regel sowohl der Kopf als auch die Extremitäten mit Füßen. Wie oben bereits erwähnt, ist das Mastendgewicht in einem bestimmten Alter zwischen und auch innerhalb Linien sehr unterschiedlich, in Abhängigkeit von den Haltings- und Fütterungsbedingungen während der Mast.

Die Schlachtausbeute in den zitierten Untersuchungen liegt zwischen 55 und 65% des Lebendgewichts vor dem Schlachten (in der Regel nach 24 Stunden Nüchterung). Das Schlachtkörpergewicht spiegelt im allgemeinen die genetischen Unterschiede im Lebendgewicht vor dem Schlachten wider. Schlachtkörper nativer Meerschweinchen (275 g) wiegen in den Untersuchungen von MIRANDA (1993) ca. 40% weniger als die im gleichen Alter (16 Wochen) geschlachteten peruanischen (464 g), siehe Tab.2.19.

CHAUCA et al. (1992a), zitiert nach CHAUCA (1997), vergleicht die Schlachtleistung von peruanischen, nativen und Kreuzungstieren mit vergleichbarem Lebendgewicht. Dabei ist die Schlachtausbeute der um 4 Wochen jüngeren peruanischen Meerschweinchen (67%) deutlich höher als die der 13 Wochen alten nativen (55%). Die beim Lebendgewicht bestehende Differenz zwischen gleichaltrigen nativen (800 g) und Kreuzungstieren (887 g) erhöht sich durch die höhere Schlachtausbeute der letzteren von 10 auf 35% (siehe Tab.2.19).

Unterschiedliche Schlachtkörperlängen innerhalb Genotyp spiegeln die auf unterschiedliche Haltingsbedingungen zurückzuführende Gewichtsentwicklung während der Mast wider. Zum Vergleich von Schlachtkörperlängen verschiedener Genotypen unter vergleichbaren Haltingsbedingungen liegt nur die Untersuchung von MIRANDA (1993) vor. Entsprechend dem Lebendgewicht beim Schlachten bzw. dem Schlachtkörpergewicht, übertrifft die Schlachtkörperlänge (mit und ohne Kopf) peruanischer Meerschweinchen (28.7 cm) deutlich die von nativen bolivianischen (25,3 cm); statistisch nachweisbare Unterschiede zwischen Genotypen mit mindestens 50% peruanischem Genanteil liegen nicht vor. Die Länge des Kopfes scheint bei den verschiedenen Genotypen gleich zu sein.

Mit zunehmendem Schlachtgewicht erhöht sich auch die Fettmasse im Körper. Die mit einem Nüchterngewicht von 400 bis 700 g geschlachteten männlichen Tiere unterschiedlichen Genotyps weisen eine Fettmasse um Nieren, Hoden und am Rücken von jeweils 1.8-3.2 g, 1.5-3.8 g und 1.2-3.8 g auf (MIRANDA,1993), wobei kein signifikanter Unterschied zwischen Genotypen mit mehr als einem Viertel peruanischen Genanteil besteht. Der Fettanteil der bolivianischen Linie ist In den Untersuchungen von GALINDO (1994) hingegen, nach denen sich kein signifikanter Unterschied im Mastendgewicht zwischen Genotypen ergab, ist die Rückenfettmasse von Tieren mit 5/8 peruanischem Genanteil (Rot1P) deutlich höher als bei denen mit 3/8 (Rot1B) oder 50% (F3) peruanischem Genanteil.

**Tab.2.19: Literaturübersicht über die Schlachtleistung beim Meerschweinchen. Table 2.19 Literature review: Slaughter performance in guinea pigs**

Autor	Genotyp	n	Lebend- gewicht [SD] g	Aus- schlach- tung %	Schlacht- körper- gewicht (kalt) [SD] g	Schlacht- körper- länge mit Kopf cm	Schlacht- körper- länge ohne Kopf cm	Nieren- fett g	Hoden- fett g	Rücken- fett g
<b>MIRANDA (1993)<sup>1)</sup></b>	BB <sup>4)</sup>	5	419.3a		274.6a	25.30a	18.68a	1.75	1.49a	1.19a
	BBx <sup>4)</sup> F1, F1x <sup>4)</sup> BB	20	538.6ab	64.5	341.6ab	26.86b	19.90ab	2.01	2.77ab	2.35ab
	F1 (BP, PB)	30	619.9bc	64.5	397.4bc	27.65bc	20.58bc	2.73	3.35b	2.94b
	PPx <sup>5)</sup> F1, F1x <sup>5)</sup> PP	20	674.3bc	65.0	435.5bc	28.68c	21.30bc	2.93	3.59b	3.39b
	PP <sup>5)</sup>	5	709.4c	65.6	463.8c	28.66c	21.06c	3.24	3.79b	3.77b
<b>GALINDO(1994)<sup>1)</sup></b>	Rot1P <sup>6)</sup>	10		64.6						3.20a
	F3 <sup>6)</sup>	10		63.8						2.20b
	Rot1B <sup>6)</sup>	10		60.7						2.00b
<b>BIRRUETA (1995)<sup>2)</sup></b>	Rot1B	10	1027.8	59.16	683.5					10.60
<b>CHAUCA et al. (1992a)</b> zitiert nach	P <sup>7)</sup>	30	752.4 [126.1]	67.38	489.2 [91.9]					
	N <sup>8)</sup>	44	799.5 [288.3]	54.43	436.7 [167.1]					
<b>CHAUCA (1997)<sup>3)</sup></b>	NxP u./o. PxN	28	886.5 [264.6]	63.40	570.4 [197.5]					

<sup>1)</sup> Männliche Tiere, Lebendgewicht vor dem Schlachten entspricht Nüchterngewicht am 113. Lebenstag, Schlachtkörpergewicht mit Kopf und Füßen;

<sup>2)</sup> Männliche Tiere in Sonderhaltung, Lebendgewicht vor dem Schlachten entspricht Nüchterngewicht am 113. Lebenstag, Schlachtkörpergewicht mit Kopf und Füßen;

<sup>3)</sup> Lebendgewicht vor dem Schlachten 9 Wochen post partum für die peruanischen Meerschweinchen (P), 13 Wochen post partum für die nativen Meerschweinchen (N) und die Kreuzungstiere (NxP u./o. PxN)

<sup>4)</sup> BB: Bolivianische Linie im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien; <sup>5)</sup> PP: Peruanische Linie im Projekt Mejocuy, UMSS Cochabamba, Bolivien;

<sup>6)</sup> Rot1P: PPxRKB, Rot1B: BBxRKP, F3: (BP,PB)<sup>3)</sup>, siehe Tab.3.3;

<sup>7)</sup> P: Peruanische Meerschweinchen; <sup>8)</sup> N: Native Meerschweinchen

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Autor und Spalte unterscheiden sich signifikant (p<0.05)

### 3 Tiere und Methode

#### 3.1 Geographische Lage und Klima am Standort des Zuchtprojektes

Cochabamba liegt in einem Andental im Zentrum Boliviens auf ca. 2500 m Höhe ü.M am 17. Längen- (17 23' 09'') und 66. Breitengrad (66 09' 35''), (vgl. Abb.3.1).



**Abb. 3.1: Karte von Südamerika mit Bolivien, Cochabamba.** *Figure 3.1: Map of South America with Bolivia, Cochabamba*

Die semi-ariden Andentäler zählen im allgemeinen zur tierra fría media, deren Wintermonate (Juni, Juli, August) durch einen starken diurnalen Temperaturwechsel von bis zu über 20 °C charakterisiert sind. Vor allem in diesen Monaten können vereinzelt Nachtfröste auftreten. Auch zählen sie zu den niederschlagsärmsten (Tab.3.1), so dass ein großer Teil der Kulturen gerade in dieser Jahreszeit bewässert werden muss. Während der Sommermonate (Dezember bis Februar) sind die Temperaturen annähernd konstant bei ca. 10 bis 15 °C. Die Winter- bzw. Sommermonate sind im allgemeinen den thermischen Klassen 6 und 7<sup>1</sup> zuzuordnen (PAPADAKIS, 1980).

Die durchschnittliche jährliche Niederschlagsmenge liegt bei 548 mm (PAPADAKIS, 1980), und konzentriert sich auf die Monate Dezember bis März (Tab. 3.1).

<sup>1</sup> Thermische Nummern für Sommermonate (PAPADAKIS, 1980):

6 (Mais): Durchschnitt der mittleren Maxima der sechs wärmsten Monate über 21; minimaler Durchschnittswert während mehr als 4 ½ Monaten über 2; minimaler Durchschnittswert während mehr als 3 ½ Monaten über 7 und/oder maximaler Durchschnitt des wärmsten Monats unter 25.

7 (Reis): Durchschnitt der mittleren Maxima der sechs wärmsten Monate über 21; minimaler Durchschnittswert während mehr als 3 ½ Monaten über 7; maximaler Durchschnitt des wärmsten Monats über 25; Durchschnitt der mittleren Maxima der sechs wärmsten Monate unter 25 und/oder minimaler Durchschnittswert während mehr als 4 ½ Monaten über 2; minimaler Durchschnittswert während mehr als 4 ½ Monaten über 7

**Tab 3.1: Klimatische Formel, Jahresniederschlagsmenge und monatliches Klima in Cochabamba. Table 3.1: Climatic Formula, rain fall quantity and monthly climate in Cochabamba**

Jährl. Niederschlag mm	Formel	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J
548	7--d4h <sup>1</sup>	-a <sup>2</sup>	-a	-a	-a	-s <sup>3</sup>	-i <sup>4</sup>	-h <sup>5</sup>	-h	-y <sup>6</sup>	-a	-a	-a

<sup>1)</sup> 7--d4h: Thermische Klasse der Sommermonate 7; 4 nicht-aride Monate, der feuchteste Monat ist humid. <sup>2)</sup> a: arid, <sup>3)</sup> s: trocken (seco) <sup>4)</sup> i: halbtrocken (intermedio seco), <sup>5)</sup> h: humid, <sup>6)</sup> y: halb humid (intermedio húmedo)

Quelle: PAPADAKIS (1980)

Die experimentellen Untersuchungen wurden in Stallungen auf dem Gelände der Agrarfakultät der Universidad Mayor de San Simón in Cochabamba, ca. 4,5 km vom Stadtzentrum entfernt, durchgeführt.

### 3.2 Meerschweinchenzuchtprojekt „Mejocuy“

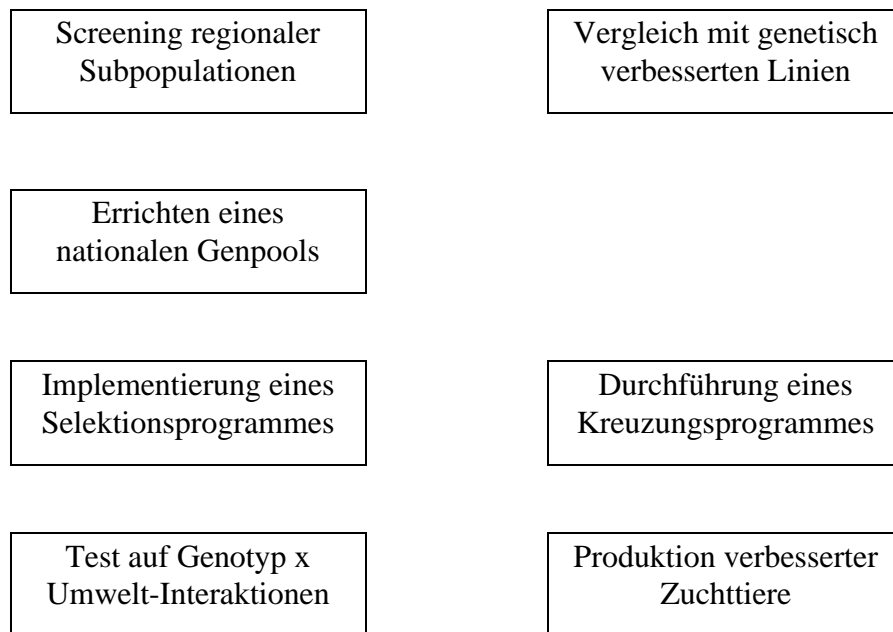
#### 3.2.1 Zuchtprogramm

Das Meerschweinchenzuchtprojekt „Mejocuy“ (Verbesserung von Zucht und Nutzung des Meerschweinchens in Bolivien, VALLE ZARATE et al., 1994), ein Partnerschaftsprojekt zwischen der Universität Mayor de San Simón, Cochabamba und dem Institut für Tierproduktion der Technischen Universität (jetzt: Institut für Nutztierwissenschaften der Humboldt-Universität) Berlin, startete im Jahr 1987 eine Sammlung von insgesamt 600 Tieren 30 verschiedener Lokalitäten aus fünf Departments Boliviens (VALLE ZARATE et al. 1991, VALLE ZARATE et al. 1994, VALLE ZARATE 1996).

Grundlage des Zuchtprogramms von „Mejocuy“ war zunächst das *Screening* dieser regionalen Subpopulationen (HÖLTING, 1991, zitiert nach VALLE ZARATE et al., 1991; CAHILL, 1990), aus denen durch Kreuzung zwischen 29 dieser Herkünfte der Genpool des bolivianischen Meerschweinchens gebildet wurde. Gleichzeitig wurden aus Peru sogenannte „verbesserte“ Meerschweinchen (insgesamt 150 Zuchttiere), die sich vor allem durch ein 40 bis 60 % höheres Körpergewicht gegenüber den bolivianischen auszeichnen, importiert.

Nach der Schätzung von Populationsparametern bei der bolivianischen Basispopulation bzw. der Untersuchung auf Heterosiseffekte bei ersten Kreuzungen zwischen bolivianischen und peruanischen Meerschweinchen (LIZECA, 1990; CASTELLON, 1989) wurde ein Selektionsprogramm für jeweils beide Linien implementiert (AZUGA, 1993, LIZECA, 1997) und parallel dazu ein Kreuzungsprogramm durchgeführt. Schließlich bildet ein Test auf Genotyp x Umwelt-Interaktionen (SABA, 1993; SOLANO, 1993) einen wichtigen Bestandteil des Programmes aufgrund der stark variierenden Umwelten, nicht nur bedingt durch verschiedene Klimazonen und Mikroklimata, sondern auch infolge von unterschiedlichen Fütterungs- und Haltungsbedingungen.

Das Zuchtprogramm lässt sich nach VALLE ZARATE et al. (1991) wie folgt darstellen:



**Abb. 3.2: Komponenten des Zuchtprogramms.** *Figure 3.2 Components of the breeding programme*

Quelle: VALLE ZARATE et al. (1991)

### 3.2.2 Kreuzungsprogramm

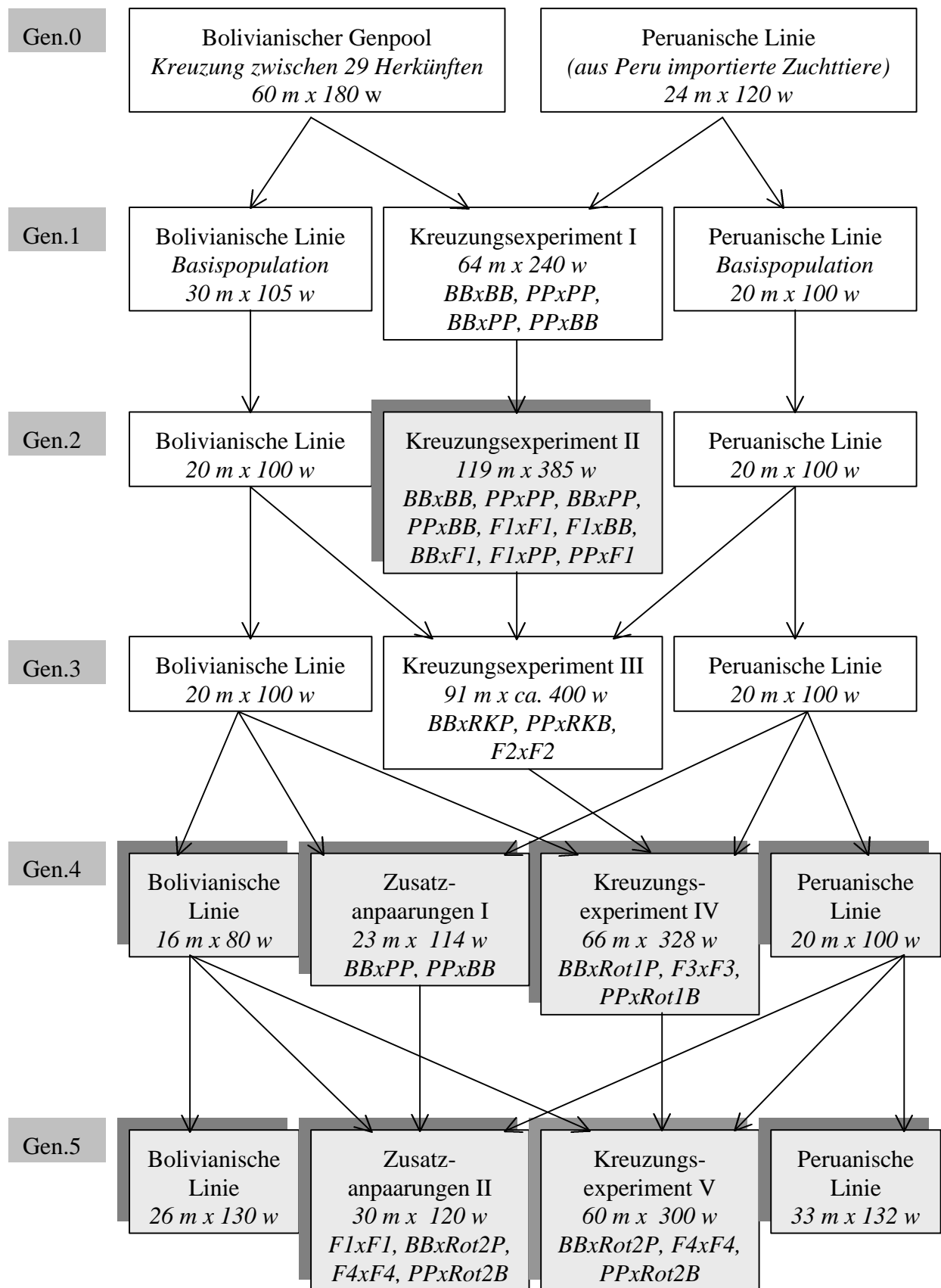
Das Kreuzungsprogramm, das die Grundlage für die vorliegende Untersuchung bildet, begann im Jahre 1989 mit der Bildung der reziproken F1s und den jeweiligen Reinzuchtlinien, wobei die Elterntiere (insgesamt ca. 250) jeweils von den Nachkommen der Anpaarung zwischen den bolivianischen Herkünften, also dem neugebildeten bolivianischen Genpool, bzw. von den Nachkommen der aus Peru importierten Tiere stammten (Generation 1).

Die zweite Kreuzungsphase bestand aus der Anpaarung von ca. 400 Zuchttieren (Nachkommen der ersten Kreuzungsphase), wobei 16 verschiedene Zuchtgruppen gebildet wurden (Bolivianische Reinzucht: BB, Peruanische Reinzucht: PP, reziproke F1: BP, PB, reziproke F2: BPxPB, PBxPB, BPxBP, PBxBP, reziproke Rückkreuzungen: PPxBP, PPxPB, BPxPP, PBxPP, BBxBP, BBxPB, PBxBB, BPxBB).

In der folgenden Kreuzungsgeneration wurde eine synthetische Linie mit jeweils 50% Genanteil der beiden Reinzuchtpopulationen (F3) weiterentwickelt sowie eine Rotationskreuzung durch Anpaarung der Rückkreuzungsmütter mit einem peruanischem bzw. bolivianischem Bock aufgebaut, die in den darauf folgenden Generationen weitergeführt werden.

Die zeitgleich mit der 4. und 5. Kreuzungsgeneration erstellten F1 und F2 sind als Zusatzanpaarungen außerhalb des Kreuzungszuchtprogramms für die vorliegende Arbeit zu betrachten.

In Abb. 3.3 ist die chronologische Folge der Zuchtstufen für die Reinzucht- und Kreuzungsgruppen bis zur 5. Generation dargestellt, wobei die für die vorliegende Arbeit verwendeten Zuchtstufen durch Schattierung gekennzeichnet sind.



**Abb. 3.3: Kreuzungszuchtstruktur für die Erstellung des Datenmaterials.** Figure 3.3: Crossbreeding structure for the composition of the data basis



Kennzeichnung der Zuchtgruppen siehe Tab.3.3

### 3.2.3 Zuchtgruppen

**Bolivianische Reinzuchtlinie:** Wie bereits unter 3.2.1 beschrieben, entstand die Bolivianische Reinzuchtlinie durch die Kreuzung von 29 regionaler Subpopulationen (erste Inter-se-Kreuzung: Bolivianischer Genpool). Bei den folgenden Generationen wurde darauf geachtet, möglichst Tiere verschiedener Herkunft miteinander zu verpaaren. Diese als Kontrollgruppe geführte Linie befand sich in Generation 5 in der sechsten Inter-se-Paarungsphase. Eine detaillierte Beschreibung physiologischer und morphologischer Merkmale sowie über den Wachstumsverlauf liegt von CAHILL (1990) vor, während VALLE ZARATE et al. (1994) das Leistungsvermögen der Bolivianischen Basispopulation (Bolivianischer Genpool) beschreiben.

**Peruanische Reinzuchtlinie:** Die Peruanische Reinzuchtlinie entstand durch Import von ca. 150 großbrahmigen Zuchttieren aus dem Bezirk La Molina in Lima, Peru, deren genaue Herkunft nicht bekannt ist. Nach QUIJANDRIA (1988) entstand dieser Meerschweinchentyp durch Selektion verschiedener Ökotypen in Peru, der in den Andenländern allgemein als das Peruanische Meerschweinchen bekannt ist (siehe Punkt 2.3). Diese Linie wird im Projekt Mejocuy als Selektionslinie geführt. Als Selektionsmerkmale wurde für die männlichen Zuchttiere das Körpergewicht am 56. Lebenstag (Eigenleistung) und die Wurfgröße bei der Geburt (Elternleistung) berücksichtigt. AZUGA (1993) stellte folgende Übersicht über die Selektionsschärfe während der ersten 3 Generationen auf:

**Tab. 3.2: Übersicht über die Selektionsintensität männlicher Zuchttiere bei der Peruanischen Reinzuchtlinie. Table 3.2: Selection intensity of sires in the Peruvian line**

Generation	Anzahl m. Tiere Gesamt	Anzahl selektierter m. Tiere	Remontierungs- rate %	Selektions- intensität
1	137	20	15	1.55
2	162	20	12	1.67
3	150	20	13	1.63

Quelle: AZUGA (1993)

Da der Großteil der weiblichen Tiere zur Nachzucht gebraucht wird, ist die Selektion bei den weiblichen Zuchttieren zu vernachlässigen.

Schließlich sei darauf hingewiesen, dass es auch in Peru eine Vielzahl regionaler Herkünfte gibt, die den bolivianischen in etwa entsprechen und im allgemeinen als „criollo“ (Landmeerschweinchen) bezeichnet werden. Auch vom „verbesserten“ (mejorado) Meerschweinchen werden mehrere Linien beschrieben (Chauca, 1995), die durch Selektion auf unterschiedliche Merkmale entwickelt worden sind. Ob die importierten Tiere von einer oder mehrerer dieser Selektionslinien abstammen, ist nicht bekannt. Die Leistungsbeschreibung der Peruanischen Basispopulation erfolgte wie die der Bolivianischen von VALLE ZARATE et al. (1994).

**Kreuzungsgruppen:** Die entsprechenden Kreuzungsgruppen ergeben sich aus der Bolivianischen und der Peruanischen Reinzuchtlinie in Form von Vorstufen und Stufen beim Aufbau einer synthetischen Linie (je 50% Genanteil) und einer Rotationskreuzung.

Die einzelnen Zuchtgruppen aus den verschiedenen Generationen sind in Tabelle 3.3 näher erläutert. Sie sind in der Tabelle 3.4 geordnet nach ihrem theoretischen Anteil an Genen der peruanischen Linie dargestellt. Diese Reihenfolge wird bei der Ergebnisdarstellung (Kapitel 4) beibehalten.

**Tab. 3.3: Kennzeichnung ausgewählter Zuchtgruppen des Mejocuy-Zuchtprogramms.**  
**Table 3.3: Breeding group characterization of the Mejocuy breeding programme**

Zuchtgruppe	Kennzeichnung		Generationen
	Paarungsebene	Nachkommenebene	
<b>Bolivianische Reinzuchtlinie</b>	<b>BBxBB</b>	<b>BB</b>	<b>1, 2, 3, 4, 5</b>
<b>Peruanische Reinzuchtlinie</b>	<b>PPxPP</b>	<b>PP</b>	<b>1, 2, 3, 4, 5</b>
<b>Reziproke F1</b>	<b>PPxBB</b>	<b>PB</b>	<b>1, 2, 4</b>
	<b>BBxPP</b>	<b>BP</b>	<b>1, 2, 4</b>
<b>Reziproke Rückkreuzungen</b>	<b>BBxF1</b>	<b>RKB</b>	<b>2</b>
	<b>F1xBB</b>	<b>RKB'</b>	<b>2</b>
	<b>PPxF1</b>	<b>RKP</b>	<b>2</b>
	<b>F1xPP</b>	<b>RKP'</b>	<b>2</b>
<b>Reziproke F2</b>	<b>F1xF1</b>	<b>F2</b>	<b>2, 5</b>
Rotationskreuzungen 1	BBxRKP	Rot1B	3
	BBxRKP'	Rot1B'	3
	PPxRKB	Rot1P	3
	PPxRKB'	Rot1P'	3
Reziproke F3	F2xF2	F3	3
<b>Rotationkreuzungen 2</b>	<b>BBxRot1P</b>	<b>Rot2B</b>	<b>4</b>
	<b>PPxRot1B</b>	<b>Rot2P</b>	<b>4</b>
<b>Synthetische Linie (F3xF3)</b>	<b>SYNxSYN</b>	<b>SYN</b>	<b>4</b>
<b>Rotationskreuzungen 3</b>	<b>BBxRot2P</b>	<b>Rot2B</b>	<b>5</b>
	<b>PPxRot2B</b>	<b>Rot2P</b>	<b>5</b>
<b>Synthetische Linie (F4xF4)</b>	<b>SYNxSYN</b>	<b>SYN</b>	<b>5</b>

Fettdruck: Für die vorliegende Arbeit verwendete Zuchtgruppen

**Tab. 3.4: Erwartetes durchschnittliches genetisches Niveau der verschiedenen Zuchtgruppen.**  
**Table 3.4: Mean expected genetic level of the different breeding groups**

Zuchtgruppe		% Genanteil PP
Anpaarungsstufe	Nachkommenstufe	
BBxBB	BB	0
F1xBB	RKB'	25
BBxF1	RKB	25
BBxRot1P	Rot2B	31.25
BBxRot2P	Rot3B	34.375
BBxRKP	Rot1B	37.5
PPxBB	PB	50
F1xF1	F2	50
SYNxSYN	SYN	50
BBxPP	BP	50
PPxRKP	Rot1P	62.5
PPxRot2B	Rot3P	65.625
PPxRot1B	Rot2P	68.75
PPxF1	RKP	75
F1xPP	RKP'	75
PPxPP	PP	100

### 3.2.4 Inzuchtrate

Für die Generationen 4 und 5 wurde bei den Reinzuchtlinien sowie bei der synthetischen Linie (nur Generation 5) die Inzuchtrate ermittelt. Zum einen soll festgestellt werden, ob die Selektion bei der Peruanischen Reinzuchtlinie zu einer höheren Inzuchtrate führt als bei der Bolivianischen, zum anderen interessiert die Inzuchtrate an sich bei geschlossenen Linien.

Für die Schätzung der Inzuchtrate wurde nach FALCONER (1984) die nichtzufällige Verteilung der Familiengröße (Anzahl von Nachkommen eines Individuums, die in der nächsten Generation zur Zucht kommen) mitberücksichtigt. Bei der Berechnung der Varianz der Familiengröße wird eine Poisson-Verteilung angenommen, so dass die Varianz gleich dem Mittelwert ist.

Aus

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e}$$

und

$$N_e = \frac{8N}{V_{km} + V_{kf} + 4} \text{ (approximativ)}$$

ergibt sich

$$\Delta F = \frac{V_{km} + V_{kf} + 4}{16N}$$

$\Delta F$ : Inzuchtrate

$N_e$ : effektive Populationsgröße

$N$ : Populationsgröße

$V_{km}$ : Varianz der Familiengröße bei männlichen Zuchttieren

$V_{kf}$ : Varianz der Familiengröße bei weiblichen Zuchttieren

Die Inzuchtrate liegt in den untersuchten Generationen bei allen drei Linien zwischen 0.5 und 0.7 %. Bei einem Generationsintervall von unter einem Jahr – bei intensiver kommerzieller Nutzung (z.B. MONCAYO, 1997) etwa knapp über einem halben Jahr – überschreitet die jährliche Inzuchtrate den von NICHOLAS (1991) empfohlenen Wert von 0.5 (siehe Punkt 2.2.3.3). Was die beiden Reinzuchtlinien betrifft, so ist der Inzuchtzuwachs in den Generationen 4 und 5 trotz Selektion bei der Peruanischen Linie niedriger als bei der Bolivianischen (Tab. 3.5).

Da Paarungen zwischen engen Verwandten vermieden wurden, kann nach FALCONER (1984) mit einer angeglichenen Inzuchtrate von Generation zu Generation und einem relativ uniformen Inzuchtkoeffizienten von Individuen innerhalb der Generationen ausgegangen werden.

**Tab. 3.5: Variation der Familiengröße und geschätzte Inzuchtrate der beiden Reinzuchtlinien und der Synthetischen Linie in den Generationen 4 und 5. Table 3.5 Variation of family size and estimated inbreeding rate in the two purebred and in the synthetic lines**

Zuchtgruppe	N	Vkm	Vkf	$\Delta F$ %
<i>Generation 4<sup>1)</sup></i>				
BB	96	4.8	1.5	0.67
PP	120	6.0	1.9	0.62
<i>Generation 5</i>				
BB	156	9.75	2.23	0.64
PP	165	8.25	2.12	0.54
SYN	121	5.76	1.73	0.59

<sup>1)</sup> Informationen zur Abstammung der Synthetischen Linie in der Generation 4 fehlen

### 3.2.5 Betriebsmanagement

#### 3.2.5.1 Stallungen

Die Haltung der Tiere erfolgte in jeweils drei Ställen halboffener Bauweise: zwei Reproduktionsställe und ein Maststall für insgesamt 3000 Tiere. Die Stalleinrichtung besteht aus Reihen aneinander angrenzender Buchten aus verputzten Ziegelsteinen auf Zementboden. Die Fenster- und Dachöffnungen sind mit Maschendraht versehen, um Fliegen und Eindringlinge (v.a. Ratten) fernzuhalten. Im Winter werden die Öffnungen nachts mit Vorhängen bedeckt, um die Tiere vor der Kälte zu schützen.

Der Reproduktionsstall 1 ist charakterisiert durch zwei parallel zur Längsachse verlaufenden Buchtenreihen von jeweils 1.5 m Länge, 0.54 m Breite (0.81 m<sup>2</sup>) und 0.55 m Höhe mit einem in der Mitte verlaufenden Futtergang.

Die Anpaarungsbuchten im Reproduktionsstall 2 sind in aneinander angrenzenden Doppel- bzw. Vierfachreihen angeordnet und von zwei Futtergängen aus zugänglich. Sie variieren je nach Position im Stall in der Größe: Die geräumigsten Buchten sind ca. 0.98-1.1 m lang und 0.74-0.89 m breit (ca. 0.80-0.86 m<sup>2</sup>). Die Querschnittsfläche der mittelgroßen Buchten (0.98-1.04 m lang und 0.71 -0.74 m breit) beträgt ca. 0.73 m<sup>2</sup>, die der kleinen (0.69-0.72 m lang und 0.61 m breit) ca. 0.43 m<sup>2</sup>. Außerdem befinden sich entlang der rechten Längswand Einzeltierbuchten von ca. 0.15 m<sup>2</sup> für Ersatzböcke, kranke Tiere oder auch Hobbyzüchtungen außerhalb des Zuchtprogramms. Sämtliche Buchtenwände sind durchschnittlich 0.46 m hoch.

Für die Anpaarung der reziproken F1 parallel zur 4. Generation wurde an der linken Längswand eine extra Reihe von Buchten aus Ziegelsteinen gebaut, die den mittelgroßen Buchten entsprechen.

Der Maststall ist für ca. 1500 Tiere konzipiert, wobei die Mehrzahl der Buchten 1.50-1.53 m lang und 0.81-0.82 m breit sind mit einer Fläche von ca. 1.22 m<sup>2</sup>. Die Buchten an den Seitenwänden und Ecken sind in der Regel kleiner, zum Teil auch größer, was bei der Besetzung entsprechend berücksichtigt wird. Die Buchtenhöhe beträgt 0.60-0.68 m.

Die Anzahl Zuchttiere pro Bucht in den Reproduktionsställen liegt zwischen 4 und 6, wobei die zur Verfügung stehende Fläche pro Tier je nach Generation und Zuchtgruppe zwischen 0.08 und 0.17 m<sup>2</sup> beträgt (siehe Tab. 3.6). Die Buchtenfläche pro Tier im Maststall variiert zwischen 0.064 und 0.081 m<sup>2</sup> (Tab. 3.7).

**Tab. 3.6: Buchtengröße und Fläche pro Zuchttier im Reproduktionsstadium. Table 3.6: Box sizes and area per breeding animal in reproduction**

Generation/Zuchtgruppe	durchschnittliche Buchtengröße m <sup>2</sup>	Anzahl Zuchttiere pro Bucht n	Fläche pro Zuchttier m <sup>2</sup>
<i>Generation 2</i>			
BBxBB, PPxPP, F1xF1, BBxPP, PPxBB, F1xBB, BBxF1, F1xPP, PPxF1	0.30 - 0.40	4-5	0.075 - 0.080
<i>Generation 4:</i>			
BBxBB	0.81	6	0.135
PPxPP	0.80 - 0.86	6	0.133 - 0.143
PPxRot1B, BBxRot1P, SYNxSYN, BBxPP, PPxBB	0.73	6	0.122
<i>Generation 5</i>			
BBxBB	0.81 <sup>1</sup> ; 0.73 <sup>2</sup>	6	0.135 <sup>1</sup> ; 0.122 <sup>2</sup>
PPxPP	0.80 - 0.86	5	0.160 - 0.172
PPxRot2B, BBxRot2P, SYNxSYN <sup>3</sup>	0.73	6	0.122
F1xF1, PPxRot2B, BBxRot2P, SYNxSYN <sup>4</sup>	0.43	5	0.086

<sup>1)</sup> Reproduktionsstall 1, <sup>2)</sup> Reproduktionsstall 2, <sup>3)</sup> Kreuzungsexperiment V, <sup>4)</sup> Zusatzanpaarungen II

**Tab. 3.7: Buchtengröße und Besatzdichte während der Mastphase. Table 3.7: Box sizes and area per animal while fattening**

Generation/Zuchtgruppe	durchschnittliche Buchtengröße m <sup>2</sup>	Anzahl Zuchttiere pro Bucht n	Fläche pro Zuchttier m <sup>2</sup>
<i>Generation 2</i>			
BB, PP, F2, BP, PB, RKB, RKB', RKP, RKP'	1.22	max. 15	mind. 0.081
<i>Generation 4</i>			
BB	1.22	19	0.064
PP	1.22	16	0.076
Rot2B, Rot2P, SYN, BP, PB	1.22	17	0.072
<i>Generation 5</i>			
BB, PP, Rot3B, Rot3P, SYN, F2	1.22	15	0.081

### 3.2.5.2 Hygienemaßnahmen

Neben der jährlich vorgesehenen Komplettreinigung und -desinfektion sämtlicher Ställe wurden routinemäßig neu zu besetzende Buchten nach dem Entmisten mindestens 48 Stunden gelüftet und dann gründlich abgeflammt. Der Boden, v.a. die Ecken, wurde mit ausreichend Kalk bestreut. Als Einstreu dienten in der Regel Reisspelzen, z.T. Hobelspäne.

Die Tiere, die z.B. zur Anpaarung oder zum Absetzen in eine neue Bucht kamen, wurden mit BOLFO (Wirkstoff 2-Isopropoxyphenyl-N-Methylcarbammat) zum Schutz vor bzw. für die Behandlung gegen Ektoparasiten eingepudert. Sie blieben in der Regel bis zum Abschluss der Reproduktionsphase oder Mastende in ihrer „Tiefstreubucht“, jedoch ohne zusätzliche Einstreu.

Krankheitskontrollen wurden regelmäßig durchgeführt, wobei an Krankheiten die mykotische Dermatitis, eine Zoonose (TICONA, 1994; RUTHENBERG WILKENS, 1995), oft in Verbindung mit Bisswunden an erster Stelle stand. Diese wurde mit einer Jod- oder Kupfersulfatlösung, aber auch Matabicheiras (Wirkstoffe: Supona, Vapona) behandelt. Vereinzelt traten Augenentzündungen auf, die mit Colirio (Wirkstoffe: Chlor-Benzalcon, Neomycin Sulf., Phenylefrin) behandelt wurden.

Bei Infektionsdruck wurde den Tieren ein Antibiotikum mit dem Trinkwasser meist in Verbindung mit Vitaminen, verabreicht, bei allgemein erhöhten Stresssituationen (u.a. jahreszeitlich bedingter Mangel an Grünfutter) eine Vitamin-Elektrolyt-Lösung.

### **3.2.5.3 Fütterung**

Luzerne, die auf Feldern der ca. 7,2 ha großen projekteigenen Fläche angebaut wurde, stellte das Grundfuttermittel für die Meerschweinchen dar. Das Grünfutter wurde morgens geschnitten und um die Mittagszeit den Tieren auf dem Buchtenboden verabreicht. Außerdem wurde auf kleineren Flächen Mais und Grüngetreide (Triticale, Hafer) angebaut, die bei Knappheit an Luzerne stattdessen verfüttert wurden. Trotzdem musste in den ariden Monaten Luzerne zugekauft werden, um die Versorgung der Tiere zu sichern.

In Zeiten von Futterknappheit und/oder mangelnder Futterqualität wurde zusätzlich ein mit Wasser angerührtes vitaminisiertes Konzentrat aus Weizenkleie, Soja- und Sonnenblumenmehl mit Zusatz von Knochenmehl, Muschelkalk und Salz (18% Protein) in Keramikschalen verabreicht. Bei Bedarf erhielten die Tiere zusätzlich Wasser in denselben Keramikschalen.

### **3.2.5.4 Zucht-Management**

Bei der Anpaarung wurde je nach Zuchtgruppe und/oder Buchtengröße ein Bock mit 3 bis 5 nulliparen drei bis sechs Monate alten Weibchen derselben Generation in einer Bucht zusammengesetzt. Hierbei wurde das Gewicht jedes einzelnen Zuchttieres festgehalten. Um den Post-partum-Östrus der Weibchen optimal zu nutzen, blieb der Bock während der gesamten Reproduktionsperiode bei den Weibchen, was auch als kontinuierliche Anpaarung bezeichnet wird. Die Anpaarung der Tiere erfolgte zufällig, wobei jedoch Vollgeschwisterpaarung ganz und Halbgeschwisterpaarungen weitgehend vermieden wurden sowie kranke Tiere und Kümmerer nicht in Betracht kamen.

Bei der Geburt eines Wurfes wurde neben dem Datum die Anzahl der geborenen Jungtiere insgesamt sowie die Anzahl lebend geborener aufgezeichnet, ebenso das Gewicht jedes einzelnen Jungtiers und das der Mutter. Nach der Geschlechtsbestimmung erhielten weibliche Jungtiere eine Ohrmarke mit fortlaufender Nummer im linken Ohr, die männlichen eine im rechten.

Das Absetzen der Jungtiere erfolgte im Alter von 14 Tagen. Nach dem Wiegen wurden sie im Maststall nach Geschlechtern getrennt zu je 15 bis 19 Tieren (je nach Zuchtgruppe und/oder Generation) pro Durchschnittsbucht bis zum Mastende (84. Lebenstag) gehalten. Die routinemäßigen Einzeltierwiegungen während der Mastphase fanden jeweils am 28., 56. und 84. Lebenstag statt.

Bei einer Stichprobe von ca. 30 weiblichen Tieren pro Zuchtgruppe und Wurfnummer wurde bei den Tieren der Generationen 4 und 5 das Alter beim Eintreten des regelmäßigen Oestrus untersucht. Dies erfolgte zunächst ab dem 14. Lebenstag durch täglichen vaginalen Abstrich mit anschließender Untersuchung der Zellen unter dem Mikroskop. Nach den Untersuchungen von ORELLANA (1992) mit denselben Reinzuchtlinien im Projekt Mejocuy ist beim ersten regelmäßigen Oestrus stets eine Anschwellung und kirschrote Färbung der Vulva sowie deren vollständige Öffnung zu erkennen. Nach seinen Ergebnissen tritt der 1. Östrus bei einigen Tieren bereits ab

dem 18. Lebenstag ein; ein regelmäßiger Zyklus wurde jedoch erst ab dem 50. Lebenstag festgestellt. Insofern wurde die Methode des Vaginalabstriches durch eine einfache Vulvakontrolle (alle zwei Tage) ab dem 35. Lebenstag ersetzt, ohne die Genauigkeit dadurch wesentlich zu beeinträchtigen. Wenn ein Zeitraum von 13 bis 24 Tagen zwischen zwei aufeinanderfolgenden Oestruserscheinungen (Ruptur der Vaginalmembran, Rotfärbung der Vulva) lag, wurde der Zyklus als regelmäßig betrachtet und somit das erstere Datum als das des regelmäßigen Oestruseintrittes festgehalten.

Die Schlachtleistungsprüfung wurde an einer Stichprobe männlicher Tiere im Alter von 85 Tagen, vorwiegend aus Zweier- oder Dreierwürfen, bei sämtlichen Zuchtgruppen der 4. und 5. Generationen durchgeführt. Die Tötung der Tiere erfolgte nach Betäubung (Schlag auf den Kopf) durch Öffnen der Halsschlagader und Entbluten. Die Haare lassen sich einfach nach dem Brühen in ca. 80 °C heißen Wasser entfernen. Dem geschabten Schlachtkörper wurden die Innereien und Eingeweide entnommen. Hierbei wurden das Gewicht des warmen Schlachtkörpers ohne Blut und Haare sowie das ohne Eingeweide und Innereien erfasst. Anschließend wurde der Schlachtkörper eingetütet, um größere Trocknungsverluste und somit eine Verringerung der Schlachtkörperqualität zu vermeiden, und für ca. 24 Stunden bei ca. 4° C gekühlt.

Am folgenden Tag wurden der gekühlte Schlachtkörper und das Rückenfett (Merkmal für Schlachtkörperverfettung) sowie der Schlachtkörper ohne Kopf und Rückenfett gewogen. Ebenso erfasst wurden die Länge des Schlachtkörpers mit und ohne Kopf.

### **3.3 Optimierung des Paarungsdesigns**

Wie unter dem Punkt Kreuzungsprogramm beschrieben, wurden für die folgende Untersuchung Daten der Generationen 2, 4 und 5 berücksichtigt.

In der Generation 2 wurde ausschließlich das Kreuzungsexperiment II aufgenommen: Hierbei wurden in einem vollständigen Diallel insgesamt 119 Böcke mit 385 Weibchen an zwei ca. 3 Monate auseinander liegenden Zeitpunkten verpaart. Die erste Anpaarung erfolgte Anfang März 1990 (64m x 225w), die zweite (55m x 160w) Anfang Juni desselben Jahres. Das Diallel für sich wurde bereits ausführlich beschrieben und ausgewertet (VALLE ZARATE, 1996).

Im Gegensatz zum Kreuzungsexperiment II konnten bei den Generationen 4 und 5 (1992-1993) nicht alle Zuchtgruppen gleichzeitig angepaart werden. Insofern erfolgte eine Optimierung des Paarungsplanes für die jeweiligen Zuchtgruppen durch SÖLKNER (1993b).

Da für Populationsdifferenzen und individuelle Heterosis bereits zuverlässige Schätzwerte vorliegen, richtet sich das Hauptaugenmerk in dieser Arbeit auf Kreuzungsparameter, die nur bei Vorhandensein sekundärer Kreuzungsgenerationen geschätzt werden können, wie z.B. beim Dickerson Modell der Rekombinationsverlust. Das Paarungsdesign wurde daher ausschließlich zur Schätzung folgender Kreuzungsparameter aus dem Dickerson-Modell optimiert (Ds-Optimalität; Atkinson, 1988):

- individueller Rekombinationsverlust ( $r_i$ )
- maternale Heterosis ( $h_m$ )
- maternaler Rekombinationsverlust ( $r_m$ )

Die Optimierung nach diesen Parametern wurde mit dem Computerprogramm ODCE (SÖLKNER, 1995) durchgeführt. Durch einen Austauschalgorithmus (SÖLKNER & JAMES, 1990a,b,c) werden dabei die anzupaarenden Zuchtgruppen und die jeweilige Anzahl von Zuchtieren bestimmt, um die gewünschten Parameter mit größtmöglicher Genauigkeit zu schätzen. Näheres dazu siehe Punkt 2.2.1.1.

Der Zeitpunkt der Anpaarung sowie die Anzahl der anzupaarenden Tiere der beiden Reinzuchtlinien BB und PP sowie die der Kreuzungsexperimente IV und V waren vom Mejocuy-Projekt fest vorgegeben. Zusätzlich angepaart wurde in Generation 4 ausschließlich die reziproke F1, und zwar so viele Tiere wie möglich (begrenzte Anzahl an Zuchttieren und begrenzte Stallkapazität).

Für die „Optimierungsanpaarung“ (Februar 1993) stand ein Stallplatzkontingent für insgesamt 112 weibliche Zuchttiere zur Verfügung, wobei sämtliche Anpaarungen der Generationen 4 und 5 mitberücksichtigt wurden.

Bei der Aufgliederung der Anpaarungstermine in insgesamt 5 Zeitpunkte ergab sich für optimale Schätzungsvoraussetzungen bezüglich der individuellen und maternalen Rekombinationsverluste sowie der maternalen Heterosis nach SÖLKNER (1993b) folgendes Design (optimierte Anpaarungen in Fettdruck):

Zuchtgruppe	Termin				
	1	2	3	4	5
BBxBB	0	80	0	0	100
PPxPP	0	100	0	0	100
BBxPP		0	0	65	0
PPxBB		0	0	49	0
F1xF1	0	0	0	0	<b>58</b>
F <sub>1+n</sub> x F <sub>1+n</sub>	50	0	60	100	<b>29</b>
PPx(BBxF1)	0	0	0	0	<b>10</b>
BBx(PPxF1)	0	0	0	0	<b>15</b>
PPxRot1B	50	0	59	0	0
BBxRot1P	49	0	60	0	0
PPxRot2B	0	0	0	100	0
BBxRot2P	0	0	0	100	0

Da keine Rückkreuzungsmütter zur Verfügung standen, wurden stattdessen Rotation-2-Mütter eingesetzt, wobei sich die Effizienz des Designs lediglich um 1.3% verringerte (SÖLKNER, 1993b), (optimierte, praktisch mögliche Anpaarungen in Fettdruck).

Zuchtgruppe	Termin				
	1	2	3	4	5
BBxBB	0	80	0	0	100
PPxPP	0	100	0	0	100
BBxPP		0	0	65	0
PPxBB		0	0	49	0
F1xF1	0	0	0	0	<b>56</b>
F <sub>1+n</sub> x F <sub>1+n</sub>	50	0	60	100	<b>36</b>
PPxRot1B	50	0	59	0	0
BBxRot1P	49	0	60	0	0
PPxRot2B	0	0	0	100	<b>7</b>
BBxRot2P	0	0	0	100	<b>13</b>



Der realisierte Paarungsplan unterscheidet sich nur geringfügig vom oben dargestellten, praktisch möglichen und ist in Tabelle 3.4 in chronologischer Reihenfolge dargestellt. Die Variationen bei den Optimierungsgruppen ergaben sich durch die Auffüllung der Buchten auf jeweils 5 Tiere (1 Bock, 4 Weibchen) zur Standardisierung der Umweltbedingungen.

**Tab. 3.8: Realisierter Paarungsplan für die Generationen 4 und 5. Table 3.8: Realised mating plan for the generations 4 and 5**

Datum	Zuchtgruppe	Anzahl m	Anzahl w
05.03.1992	F3xF3	10	49
	PPxRot1B	10	50
	BBxRot1P	10	49
22.04.1992	BBxBB	16	80
30.04.1992	PPxPP	20	100
19./20.06.1992	F3xF3	12	60
	PPxRot1B	12	60
	BBxRot1P	12	59
	BBxPP	13	65
	PPxBB	10	49
10.12.1992	F4xF4	20	100
	BBxRot2P	20	100
	PPxRot2B	20	100
29.01.1993	BBxBB	26	130
08.02.1993	PPxPP	33	132
12.02.1993	F1xF1	14	56
	F4xF4	9	36
	BBxRot2P	4	16
	PPxRot2P	3	12
Summe		274	1303

### 3.4 Untersuchte Merkmale

Die untersuchten Merkmale lassen sich in zwei übergeordnete Kategorien einteilen, nämlich in Einzelmerkmale unterschiedlicher Komplexität, die das punktuelle Leistungsvermögen der einzelnen Tiere ausdrücken, und Gesamtproduktivitätsmerkmale, die das Leistungsvermögen in einer bestimmten Referenzzeit wiedergeben.

#### 3.4.1 Einzelmerkmale

Als Einzelmerkmale der Nachkommen sind die punktuellen individuellen Gewichts- bzw. Wachstumsleistungen zu biologisch und produktionstechnisch wichtigen Zeitpunkten (Geburt, Absetzen, Mastmitte, Mastende) sowie die Überlebensraten in den entsprechenden Abschnitten zu betrachten (Tab.3.9).

Ebenso untersucht wurde die Schlachtleistung bei einer Stichprobe ausgemästeter männlicher Tiere. Außerdem wurde bei einer Stichprobe weiblicher Jungtiere die zyklische Östrusexpression bis zum Alter von 84 Tagen untersucht. Ursprünglich sollte das Alter bei Eintreten des ersten regelmäßigen Östrus als ein Merkmal der Frühreife untersucht werden. Da sich jedoch im Laufe der experimentellen Phase herausstellte, dass nur bei ca. 60% der untersuchten Tiere ein Brunstzyklus überhaupt festgestellt werden konnte, kann daraus geschlossen werden, dass das Alter bei

der zyklischen Östrusexpression nicht in Verbindung mit der Zuchtreife steht. Vielmehr scheint die Östrusexpression mit der Qualität der Umwelt relationiert zu sein. Und in bezug auf die Zuchtgruppen könnte sie die Empfindlichkeit gegenüber widrigen Umwelteinflüsse reflektieren.

Den weiblichen Zuchttieren werden als Einzelmerkmale die punktuellen Wurfgrößen- und Wurf- gewichtsleistungen, bei Geburt, Absetzen und Mastende der Nachkommen sowie die Reproduktionsfrequenzen (Geburtsintervall, Zwischenwurfzeit) und Wurfrate zugeordnet (Tab.3.10).

**Tab. 3.9: Den Nachkommen zugeordnete Einzelmerkmale. Table 3.9: Single traits with reference to the progenies**

Messzeitpunkt		Merkmal
<i>Lebenstag / Altersabschnitt</i>	<i>Biologisches Stadium bzw. Phase</i>	
1	Geburt	• Geburtsgewicht
14	Absetzen	• 14-Tage-Gewicht / Absetzgewicht
56	Mastmitte	• 56-Tage-Gewicht
84	Mastende	• 84-Tage-Gewicht / Mastendgewicht
1 - 14	Aufzuchtphase	• Gewichtszunahme während der Aufzuchtphase
14 - 56	Vormastphase	• Gewichtszunahme während der Vormastphase
56 - 84	Endmastphase	• Gewichtszunahme während der Endmastphase
14 - 84	Mastphase	• Gewichtszunahme während der Mastphase
1 - 84	Geburt bis Mastende	• Gewichtszunahme von der Geburt bis zum Mastende
85	Schlachtzeitpunkt (nach ca. 24 h Nüch- terung)	• Ausschlachtungsanteil (Schlachtkörpergewicht warm/Lebendgewicht vor dem Schlachten nach Nüchterung*100)
86	Schlachtkörper ca. 24 h gekühlt	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Schlachtkörpergewicht kalt (mit Haut)</li> <li>• Schlachtkörperlänge</li> <li>• Anteil Rücken fett am Schlachtkörpergewicht kalt</li> </ul>
	Reifeentwicklung	• Zyklische Östrusexpression bis zum 84. Lebenstag

Die Einzelmerkmale werden mit Ausnahme der Schlachtleistungsmerkmale für beide Würfe ge- trennt analysiert, da jede Wurfnummer hier gleichzeitig auch eine besondere Umwelt repräsen- tiert, um die spezifischen Leistungen in der jeweiligen Umwelt zu erfassen. Wie bei VALLE ZARATE (1996) besteht eine signifikante Interaktion zwischen Zuchtgruppe und Wurfnummer bzw. Kreuzungsparameter und Wurfnummer, so dass es auch hier angebracht erscheint, die ein- zelnen Parameter unter den jeweilig spezifischen Umweltverhältnissen zu schätzen. Was Wurf- größen und Wurfgewichte betrifft, so konnte auch WRIGHT (1922a) praktisch keine Beziehung zwischen Folgewürfen ( $r=-0.11\pm0.023$ ) bzw. Nicht-Folgewürfen ( $r=0.064\pm0.014$ ) feststellen.

**Tab. 3.10: Den weiblichen Zuchttieren zugeordnete Einzelmerkmale. Table 3.10: Single traits with reference to the dams**

Messzeitpunkt		Merkmal
Tag(e) Post partum	Produktions-1 bzw. Reproduktions- stadium / -abschnitt	
1	Geburt	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Wurfgröße gesamt /Anzahl geborener Jungtiere</li> <li>• Wurfgröße lebend /Anzahl lebend geborener Jungtiere</li> <li>• Wurfgewicht bei der Geburt (nur lebende Jungtiere)</li> </ul>
14	Absetzen	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Wurfgröße beim Absetzen</li> <li>• Wurfgewicht beim Absetzen</li> </ul>
Anpaarung bis Geburt des 1. Wurfes	Serviceperiode + Trächtigkeitsdauer 1	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Erstlingswurfintervall</li> </ul>
Geburt des 1. Wurfes bis Geburt des 2. Wurfes	Serviceperiode + Trächtigkeitsdauer 2	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Zwischenwurfintervall</li> </ul>

1) bei den Nachkommen

### 3.4.2 Gesamtproduktivitätsmerkmale

Die der Gesamtproduktivität zugrunde liegende Referenzzeit bezieht sich in dieser Untersuchung auf ein halbes Jahr (182 Tage). Dies beruht darauf, dass sich der Untersuchungszeitraum sämtlicher Zuchtgruppen der Generation 4 ausschließlich auf zwei Würfe beschränkte, die von der ersten Anpaarung an innerhalb von sechs bis sieben Monaten erbracht worden sind.

Diese Art von Merkmalen erlaubt eine ganzheitlichere Beurteilung des Leistungspotentials der untersuchten Population. Es kann damit gerechnet werden, dass neben verschiedenen Einzelmerkmalen in gewisser Hinsicht auch noch der Merkmalskomplex des Adaptationsvermögens der Tiere mitberücksichtigt ist.

Um kürzeren Reproduktionsfrequenzen entsprechend Rechnung zu tragen, wurde die Gesamtproduktivität wie folgt berechnet:

$$GP = \frac{L}{t} \cdot 182,$$

GP: Gesamtproduktivität

L: Leistung

t: Erstlingswurfintervall + Zwischenwurfzeit

182: Halbjahr in Tagen

Diese in einem Halbjahreszeitraum erbrachten Leistungen lassen sich jedoch nicht ohne weiteres auf den Zeitraum eines Jahres umrechnen, ohne die Zuchttiermortalität zu berücksichtigen. Die absolute Leistung eines Zuchttieres, das kurz nach dem 1. Wurf stirbt, ändert sich nicht durch die Verlängerung des Berechnungszeitraums.

Nach HORST (1994) ist es in der tropischen Tierzüchtung angeraten, die Bedeutung der Körpergröße für das Adaptationsvermögen zu berücksichtigen und außerdem für die Kostenaufwendun-

gen für die Erhaltung miteinzubeziehen. Dieser Eigenschaft wird daher in Form der metabolischen Körpergröße Rechnung getragen, die in einen Produktivitätsindex eingebracht wird.

Die Grundumsatzrate beim Meerschweinchen ist nach KLEIBER & GÜTTE (1967) proportional der  $\frac{3}{4}$  Potenz des Körpergewichts. Insofern geht die metabolische Körpergröße als  $\frac{3}{4}$  Potenz des Körpergewichts des weiblichen Zuchttieres in den Produktionsindex ein. Es handelt sich dabei um den Mittelwert des Gewichts nach der Geburt des 1. und 2. Wurfes, der aufgrund nicht erfassbarer Umwelteffekte auf einen Einzelwert zuverlässiger erscheint (2 Messwerte). Bei Tieren, die keinen 2. Wurf erbrachten, wurde per zuchtgruppenspezifische Regression das Gewicht nach der Geburt des 2. Wurfes hochgerechnet (siehe Anhang Tab. A12).

Von den in Tab. 3.11 aufgelisteten Produktivitätsmerkmalen spielen für die Bewertung der biologischen Zuchtleistung insbesondere diejenigen zum Zeitpunkt des Absetzens eine wichtige Rolle. In diesen Merkmalen werden die beiden Hauptkomponenten der Fitness (FALCONER, 1984), nämlich Gesamtzahl produzierter Nachkommen sowie die Qualität dieser Nachkommen gleichermaßen berücksichtigt.

Für den wirtschaftlichen Erfolg ist letztendlich die Anzahl und das Gewicht ausgemästeter Nachkommen pro Muttertier bzw. metabolischer Körpergröße und Halbjahr von größter Bedeutung.

**Tab. 3.11: Gesamtproduktivitätsmerkmale. Table 3.11: Productivity traits**

Produktivität bezogen auf Muttertier und Halbjahr sowie auf metabolisches Muttergewicht ( $\text{kg}^{0.75}$ ) und Halbjahr
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Anzahl geborener Jungtiere</li> <li>• Anzahl lebend geborener Jungtiere</li> <li>• Gesamtgewicht bei der Geburt</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Anzahl abgesetzter Jungtiere</li> <li>• Gesamtabsetzgewicht</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Anzahl ausgemästeter Nachkommen</li> <li>• Gesamtgewicht ausgemästeter Nachkommen</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Anzahl Würfe<sup>1</sup></li> </ul>

<sup>1)</sup> nur bezogen auf Muttertier und Halbjahr

### 3.5 Genetische Modelle

Für die Schätzung von Kreuzungsparametern liegen zahlreiche genetische Modelle vor (DICKERSON, 1969, 1973, MATHER & JINKS, 1971, 1982, KINGHORN, 1980, 1982, HILL, 1982, JAKUBEC et al. 1991 u.a.), die sich vom allgemeinen Cockerham-Modell (COCKERHAM, 1980), das auf einer früheren Arbeit (COCKERHAM, 1954) sowie auf dem von KEMPTHORNE (1957) entwickelten Modell beruht, durch entsprechende Restriktionen ableiten lassen.

Dieses allgemeine Modell lässt sich wie folgt beschreiben (COCKERHAM, 1980, JAKUBEC et al., 1991, WOLF & JAKUBEC, 1991):

$$G = m + \sum_i a_i A_i + \sum_{i \leq j} d_{ij} D_{ij} + \left[ \sum_i a_i A_i \right]^2 + \left[ \sum_i a_i A_i \right] \left[ \sum_{i \leq j} d_{ij} D_{ij} \right] + \left[ \sum_{i \leq j} d_{ij} D_{ij} \right]^2$$

G: Mittelwert einer beliebigen Population

$\mu$ : Allgemeiner Mittelwert

A: Additive Effekte

D: Dominanzeffekte

AA, AD, DD: Additiv-Additiv-, Additiv-Dominanz- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen

$\alpha_i$ : Anteil von Allelen der i-ten Ausgangspopulation

$\delta_{ij}$  ( $\delta_{ii}$ ): Anteil von Allelen von Genotypen mit Allelen aus den Ausgangspopulationen i und j (bzw. nur aus i)

In diesem allgemeinen Modell werden die Geneffekte als Alleleffekte betrachtet (WOLF & HERRENDÖRFER, 1993), wobei es prinzipiell keinerlei Beschränkung bezüglich der Anzahl Allele pro Locus gibt (JAKUBEC et al., 1991). Im folgenden kommt aus praktischen Gründen das Zwei-Locus-System mit 2 Allelen pro Locus zur Anwendung.

Das Grundmodell für zwei Ausgangspopulationen kann dementsprechend nach WOLF & JAKUBEC (1991) folgendermaßen dargestellt werden:

$$\begin{aligned} G = & m + a_1 A_1 + a_2 A_2 + d_{11} D_{11} + d_{12} D_{12} + d_{22} D_{22} \\ & + a_1^2 AA_{11} + 2a_1 a_2 AA_{12} + a_2^2 AA_{21} \\ & + a_1 d_{11} AD_{1(11)} + a_1 d_{12} AD_{1(12)} + a_1 d_{22} AD_{1(22)} \\ & + a_2 d_{11} AD_{2(11)} + a_2 d_{12} AD_{2(12)} + a_2 d_{22} AD_{2(22)} \\ & + d_{11}^2 DD_{(11)(11)} + 2d_{11} d_{12} DD_{(11)(12)} \\ & + 2d_{11} d_{22} DD_{(11)(22)} + d_{12}^2 DD_{(12)(12)} \\ & + 2d_{12} d_{22} DD_{(12)(22)} + d_{22}^2 DD_{(22)(22)} \end{aligned}$$

Während im Original-Cockerham-Modell der Genanteil der Herkunft i in der untersuchten Generation mit  $a_i^c / 2$  und  $\sum_i a_i^c = 2$  definiert ist, modifizierten JAKUBEC et al. (1991) das Modell, so dass der Genanteil der Herkunft  $a_i$  entspricht und  $\sum_i a_i = 1$ .

Die genetischen Effekte lassen sich für die hier zu untersuchenden Zuchtgruppen im allgemeinen Modell nach JAKUBEC (1993b) wie folgt darstellen (Tab. 3.12).

**Tab. 3.12: Genetische Effekte in den untersuchten Zuchtgruppen. Table 3.12: Genetic effects in the studied breeding groups**

Zucht- gruppe	μ	Effekte in den Elternpopulationen										Gesamt
		Einzeleffekte										
		A <sub>B</sub>	A <sub>P</sub>	D <sub>BB</sub>	D <sub>PP</sub>	AA <sub>BB</sub>	AA <sub>PP</sub>	AD <sub>B(BB)</sub>	AD <sub>P(PP)</sub>	DD <sub>(BB)(BB)</sub>	DD <sub>(PP)(PP)</sub>	
BB	1	1 a	-	1 d	-	1 aa	-	1 ad	-	1 dd	-	g <sub>B</sub>
PP	1	-	1 a	-	1 d	-	1 aa	-	1 ad	-	1 dd	g <sub>P</sub>
BP, PB	1	1/2 1/2 a	1/2 1/2 a	-	-	1/4 1/2 aa	1/4	-	-	-	-	$\frac{g_B+g_P}{2}$
F2, SYN	1	1/2 1/2 a	1/2 1/2 a	1/4 1/2 d	1/4	1/4 1/2 aa	1/4	1/8 1/4 ad	1/8	1/16 1/8 dd	1/16	$\frac{g_B+g_P}{2}$
RKB, RKB'	1	3/4 3/4 a	1/4 1/4 a	1/2 1/2 d	-	9/16 5/8 aa	1/16	3/8 3/8 ad	-	1/4 1/4 dd	-	$\frac{3g_B+g_P}{2}$
RKP, RKP'	1	1/4 1/4 a	3/4 3/4 a	-	1/2 1/2 d	1/16 5/8 aa	1/16	-	3/8 3/8 ad	-	1/4 1/4 dd	$\frac{g_B+3g_P}{2}$
Rot1B	1	5/8 5/8 a	3/8 3/8 a	1/4 1/4 d	-	25/64 17/32 aa	9/64	5/32 5/32 ad	-	1/16 1/16 dd	-	$\frac{5g_B+3g_P}{2}$
Rot1P	1	3/8 3/8 a	5/8 5/8 a	-	1/4 1/4 d	9/64 25/64	25/64	-	5/32 5/32 ad	-	1/16 1/16 dd	$\frac{3g_B+5g_P}{2}$
Rot2B	1	11/16 11/16 a	5/16 5/16 a	3/8 3/8 d	-	121/256 73/128 aa	25/256	33/128 33/128 ad	-	9/64 9/64 dd	-	$\frac{11g_B+5g_P}{2}$
Rot2P	1	5/16 5/16 a	11/16 11/16 a	-	3/8 3/8 d	25/256 73/128 aa	121/256	-	33/128 33/128 ad	-	9/64 9/64 dd	$\frac{5g_B+11g_P}{2}$
Rot3B	1	21/32 21/32 a	11/32 11/32 a	5/16 5/16 d	-	441/1024 281/512 aa	121/1024	105/512 105/512 ad	-	25/256 25/256 dd	-	$\frac{21g_B+11g_P}{2}$
Rot3P	1	11/32 11/32 a	21/32 21/32 a	-	5/16 5/16 d	121/1024 281/512 aa	441/1024	-	105/512 105/512 ad	-	25/256 25/256 dd	$\frac{11g_B+21g_P}{2}$

**Tab. 3.12: Fortsetzung. Table 3.12: continued**

Zucht-Gruppe	Kreuzungseffekte									
	Einzeleffekte									
	D <sub>BP</sub>	AA <sub>BP</sub>	AD <sub>B(BP)</sub>	AD <sub>B(PP)</sub>	AD <sub>P(BB)</sub>	AD <sub>P(BP)</sub>	DD <sub>(BB)(BP)</sub>	DD <sub>(BB)(PP)</sub>	DD <sub>(BP)(BP)</sub>	DD <sub>(BP)(PP)</sub>
BB	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BP, PB	1 d	1/2 1/2 aa	1/2	- ad	-	1/2	-	-	1 dd	-
F2, SYN	1/2 1/2 d	1/2 1/2 aa	1/4	1/8 3/4 ad	1/8	1/4	1/4	1/8 7/8 dd	1/4	1/4
RKB, RKB'	1/2 1/2 d	3/8 3/8 aa	3/8	- 5/8 ad	1/8	1/8	1/2	- 3/4 dd	1/4	-
RKP, RKP'	1/2 1/2 d	3/8 3/8 aa	1/8	1/8 5/8 ad	-	3/8	-	- 3/4 dd	1/4	1/2
Rot1B	3/4 3/4 d	15/32 15/32 aa	15/32	- 27/32 ad	3/32	9/32	3/8	- 15/16 dd	9/16	-
Rot1P	3/4 3/4 d	15/32 15/32 aa	9/32	3/32 27/32 ad	-	15/32	-	- 9/16 dd	9/16	3/8
Rot2B	5/8 5/8 d	55/128 55/128 aa	55/128	- 95/128 ad	15/128	25/128	15/32	- 55/64 dd	25/64	-
Rot2P	5/8 5/8 d	55/128 55/128 aa	25/128	15/128 95/128 ad	-	55/128	-	- 55/64 dd	25/64	15/32
Rot3B	11/16 11/16 d	462/1024 462/1024 aa	231/512	- 407/512 ad	55/512	121/512	55/128	- 231/256 dd	121/256	-
Rot3P	11/16 11/16 d	462/1024 462/1024 aa	121/512	55/512 407/512 ad	-	231/512	-	- 231/256 dd	121/256	55/128

**Tab. 3.12: Fortsetzung.** *Table 3.12: continued*

Zuchtgruppe	Summe der Einzeleffekte in Elternpopulationen					Summe der Einzeleffekte bedingt durch Kreuzung					Summe aller Geneffekte				
	a	d	aa	Ad	dd	a	d	aa	ad	dd	a	d	aa	ad	dd
BB	1	1	1	1	1	-	-	-	-	-	1	1	1	1	1
PP	1	1	1	1	1	-	-	-	-	-	1	1	1	1	1
BP, PB	1	-	1/2	-	-	-	1	1/2	1	1	1	1	1	1	1
F2, SYN	1	1/2	1/2	1/4	1/8	-	1/2	1/2	3/4	7/8	1	1	1	1	1
RKB, RKB'	1	1/2	5/8	3/8	1/4	-	1/2	3/8	5/8	3/4	1	1	1	1	1
RKP, RKP'	1	1/2	5/8	3/8	1/4	-	1/2	3/8	5/8	3/4	1	1	1	1	1
Rot1B	1	1/4	17/32	5/32	1/16	-	3/4	15/32	27/32	15/16	1	1	1	1	1
Rot1P	1	1/4	17/32	5/32	1/16	-	3/4	15/32	27/32	15/16	1	1	1	1	1
Rot2B	1	3/8	73/128	33/128	9/64	-	5/8	55/128	95/128	55/64	1	1	1	1	1
Rot2P	1	3/8	73/128	33/128	9/64	-	5/8	55/128	95/128	55/64	1	1	1	1	1
Rot3B	1	5/16	562/1024	105/512	25/256	-	11/16	462/1024	407/512	231/256	1	1	1	1	1
Rot3P	1	5/16	562/1024	105/512	25/256	-	11/16	462/1024	407/512	231/256	1	1	1	1	1



### 3.5.1 Kreuzungseffekte nach dem Jakubec-Modell

Ein Arbeitsziel ist es, die Bedeutung epistatischer Effekte bei sekundären Kreuzungen beim Meerschweinchen in Bolivien zu untersuchen. Da nicht a priori darüber entschieden werden kann, welche Art von epistatischen Effekten dabei überhaupt in Frage kommt, soll ein genetisches Modell, das neben Additiv x Additiv-Interaktionen auch Dominanz x Dominanz- und Additiv x Dominanz-Interaktionen berücksichtigt, zur Anwendung kommen.

Modelle mit diesen drei Typen epistatischer Effekte, abgeleitet aus dem allgemeinen Cockerham-Modell und durch Reparametrisierung für die Pflanzen- und Tierzüchtung praktikabel gemacht, entwickelten MATHER & JINKS (1971), HILL (1982) und JAKUBEC et al. (1991).

Nach WOLF (1993) „hat die Wahl der Reparametrisierungsbedingungen (hat) dabei stark subjektiven Charakter und ist schwer biologisch begründbar. Sie dient in erster Linie dazu, die Anzahl der Parameter zu reduzieren und so zu rechenbaren Modellen zu kommen.“ Bezüglich des Informationsgewinnes herrscht nach WOLF & HERRENDÖRFER (1993) eine formale Übereinstimmung der Modelle bei gleicher Parameterzahl, die Parameter selbst sind jedoch jeweils anders zu interpretieren.

Für die folgenden Untersuchungen wird das von JAKUBEC et al. (1991) entwickelte Modell bevorzugt. Es ist u.a. bei bestimmter Parameterkonstellation identisch mit dem Kinghorn-Modell Hypothese X, das sich nach KINGHORN (1987a) bei der Schätzung von epistatischen Effekten bei ingezüchteten Meerschweinchen und deren Kreuzungen als sehr effizient erwies. Die Restriktionen für das hiermit als Jakubec-Modell bezeichnete Modell sind folgende (JAKUBEC et al., 1991):

$$\begin{aligned}
 g &= A_1 = -A_2 \\
 d &= D_{12}, \\
 &D_{11} = D_{22} = 0 \\
 aa &= (AA)_{12}, \\
 &(AA)_{11} = (AA)_{22} = 0 \\
 ad &= (AD)_{1(12)} = (AD)_{1(22)} = - (AD)_{2(11)} = - (AD)_{2(12)}, \\
 &(AD)_{1(11)} = AD_{2(22)} = 0 \\
 dd &= (DD)_{(11)(12)} = (DD)_{(11)(22)} = (DD)_{(12)(12)} = (DD)_{(12)(22)} \\
 &(DD)_{(11)(11)} = (DD)_{(22)(22)} = 0
 \end{aligned}$$

Die zu erwartenden Kreuzungseffekte im Jakubec-Modell für die zu untersuchenden Zuchtgruppen ausgedehnt auf mütterliche, großmütterliche und väterliche Effekte sind in der Tabelle 3.13 dargestellt. Die Bolivianische Linie gilt hierbei als Referenzpopulation, so dass die additiven Effekte durch den Genanteil der Peruanischen Linie bestimmt werden ( $g_{BB} = 0$  und  $g_{PP} = 1$ ).

Tab. 3.13: Kreuzungseffekte im Jakubec-Modell. *Table 3.13: Crossbreeding effects in the Jakubec model*

Paarungs- typ	μ	<i>Nachkommen</i> <sup>1</sup>					<i>individuell</i> <sup>1</sup>					<i>Paarungspartner</i> <sup>1</sup>					<i>maternal</i> <sup>1</sup>				
		<i>g<sub>nk</sub></i>	<i>d<sub>nk</sub></i>	<i>ad<sub>nk</sub></i>	<i>aa<sub>nk</sub></i>	<i>dd<sub>nk</sub></i>	<i>g<sub>i</sub></i>	<i>d<sub>i</sub></i>	<i>ad<sub>i</sub></i>	<i>aa<sub>i</sub></i>	<i>dd<sub>i</sub></i>	<i>g<sub>ap</sub></i>	<i>d<sub>ap</sub></i>	<i>ad<sub>ap</sub></i>	<i>aa<sub>ap</sub></i>	<i>dd<sub>ap</sub></i>	<i>g<sub>m</sub></i>	<i>d<sub>m</sub></i>	<i>ad<sub>m</sub></i>	<i>aa<sub>m</sub></i>	<i>dd<sub>m</sub></i>
		individuell <sup>2</sup>					maternal <sup>2</sup>					paternal <sup>2</sup>					grandmaternal <sup>2</sup>				
		<i>g<sub>i</sub></i>	<i>d<sub>i</sub></i>	<i>ad<sub>i</sub></i>	<i>aa<sub>i</sub></i>	<i>dd<sub>i</sub></i>	<i>g<sub>m</sub></i>	<i>d<sub>m</sub></i>	<i>ad<sub>m</sub></i>	<i>aa<sub>m</sub></i>	<i>dd<sub>m</sub></i>	<i>g<sub>p</sub></i>	<i>d<sub>p</sub></i>	<i>ad<sub>p</sub></i>	<i>aa<sub>p</sub></i>	<i>dd<sub>p</sub></i>	<i>g<sub>mm</sub></i>	<i>d<sub>mm</sub></i>	<i>ad<sub>mm</sub></i>	<i>aa<sub>mm</sub></i>	<i>dd<sub>mm</sub></i>
<i>Reinzuchten</i>																					
<b>BBxBB</b>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<b>PPxPP</b>	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Reziproke F1s</i>																					
<b>BBxPP</b>	1	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<b>PPxBB</b>	1	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F2, Synthetics</i>																					
<b>F1xF1</b>	1	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{7}{8}$	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	$\frac{1}{2}$	0	0	0	0
<b>SYNxSYN</b>	1	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{7}{8}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{7}{8}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{7}{8}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{7}{8}$
<i>Rückkreuzungen</i>																					
<b>BBxF1</b>	1	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	0	0	0	0	0	$\frac{1}{2}$	0	0	0	0
<b>PPxF1</b>	1	$\frac{3}{4}$	$\frac{1}{2}$	$-\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	1	0	0	0	0	$\frac{1}{2}$	0	0	0	0
<b>F1xBB</b>	1	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	0	0	0	0	0	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	0	0	0	0	0
<b>F1xPP</b>	1	$\frac{3}{4}$	$\frac{1}{2}$	$-\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	1	0	0	0	0	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1	1	0	0	0	0
<i>Rotationen</i>																					
<b>BBxRKP</b>	1	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{32}$	$\frac{15}{32}$	$\frac{15}{16}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{1}{2}$	$-\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	0	0	0	0	0	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1
<b>PPxRKB</b>	1	$\frac{5}{8}$	$\frac{3}{4}$	$-\frac{3}{32}$	$\frac{15}{32}$	$\frac{15}{16}$	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	1	0	0	0	0	$\frac{1}{2}$	1	0	$\frac{1}{2}$	1
<b>BBxRot1P</b>	1	$\frac{5}{16}$	$\frac{5}{8}$	$\frac{15}{128}$	$\frac{55}{128}$	$\frac{55}{64}$	$\frac{5}{8}$	$\frac{3}{4}$	$-\frac{3}{32}$	$\frac{15}{32}$	$\frac{15}{16}$	0	0	0	0	0	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$
<b>PPxRot1B</b>	1	$\frac{11}{16}$	$\frac{5}{8}$	$-\frac{15}{128}$	$\frac{55}{128}$	$\frac{55}{64}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{32}$	$\frac{15}{32}$	$\frac{15}{16}$	1	0	0	0	0	$\frac{3}{4}$	$\frac{1}{2}$	$-\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$
<b>BBxRot2P</b>	1	$\frac{11}{32}$	$\frac{11}{16}$	$\frac{55}{512}$	$\frac{231}{512}$	$\frac{231}{256}$	$\frac{11}{16}$	$\frac{5}{8}$	$-\frac{15}{128}$	$\frac{55}{128}$	$\frac{55}{64}$	0	0	0	0	0	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{32}$	$\frac{15}{32}$	$\frac{15}{16}$
<b>PPxRot2B</b>	1	$\frac{21}{32}$	$\frac{11}{16}$	$-\frac{55}{512}$	$\frac{231}{512}$	$\frac{231}{256}$	$\frac{5}{16}$	$\frac{5}{8}$	$\frac{15}{128}$	$\frac{55}{128}$	$\frac{55}{64}$	1	0	0	0	0	$\frac{5}{8}$	$\frac{3}{4}$	$-\frac{3}{32}$	$\frac{15}{32}$	$\frac{15}{16}$

<sup>1</sup>): Bezug: Muttertier; <sup>2</sup>) Bezug: Nachkomme; Fettdruck: untersuchte Paarungstypen bzw. Zuchtgruppen im Gesamtdatenmaterial für Reproduktions-, Gesamtleistungs- bzw. Gewichts- und Wachstumsleistungsmerkmale; g: Additive Effekte, d: Dominanzeffekte, aa: Additiv-Additiv-Interaktionen, ad: Add.-Dom-Interakt., dd: Dom.-Dom.-Interakt.

### 3.5.1.1 Theoretische Schätzbarkeit der Kreuzungsparameter mit den verfügbaren Zuchtgruppen

Die theoretische Schätzbarkeit der Kreuzungsparameter ist zum einen bedingt durch die Anzahl der verfügbaren Zuchtgruppen sowie durch eventuelle lineare Abhängigkeiten zwischen den Zuchtgruppen bezüglich ihrer Komposition von Kreuzungseffekten. Im Falle linearer Unabhängigkeit entspricht die Anzahl theoretisch schätzbarer Effekte der Anzahl vorhandener Zuchtgruppen.

Die Tabelle 3.13 entspricht der Designmatrix der Kreuzungseffekte für die jeweiligen Paarungstypen bzw. Zuchtgruppen. Im folgenden wird die Schätzbarkeit der Parameter anhand der fettgedruckten Zuchtgruppen ermittelt. Der Paarungstyp BBxRKB bzw. PPxRKP wird in Form der Zuchtgruppe Rot1B bzw. Rot1P ausschließlich zur Schätzung der Kreuzungsparameter der Muttergewichte gebraucht und steht für die Schätzung der Kreuzungseffekte im allgemeinen nicht zur Verfügung. Er wird deshalb hier auch nicht bei der Ermittlung der Schätzbarkeit der einzelnen Parameter berücksichtigt. Diese Schätzbarkeit sowie eventuelle lineare Abhängigkeiten der einzelnen Parameter untereinander werden durch Linearkombinationen zwischen den Parametern der verschiedenen Zuchtgruppen ermittelt. Als Bezugsbasis wird im folgenden die Nachkommenzebene mit individuellen, maternalen, paternalen und grandmaternalen Effekten betrachtet.

1. Allgemeiner Mittelwert:  $\mu$  (Vergleichsbasis):

$$\mu = \text{BB}$$

2. Additiv genetische Effekte  $g$ :

$$g_i = (\text{PP-BB}) - (\text{BP-PB}) - 2g_p$$

$$g_m = 16/5 (\text{Rot3P-Rot3B}) - 4 (\text{Rot2P-Rot2B}) - 1/5 (\text{RKP-RKB}) + 6/5 (\text{RKP'-RKB'}) + g_p - 2/5 ad_{mm}$$

$$g_{mm} = 16/5 (\text{Rot3P-Rot3B}) + 4 (\text{Rot2P-Rot2B}) - 4/5 (\text{RKP-RKB}) - 1/5 (\text{RKP'-RKB'}) + 2/5 ad_{mm}$$

3. Additiv x Dominanz-Interaktionen  $ad$ :

$$ad_i = 2 (\text{PP-BB}) - 2 (\text{BP-PB}) - 4 (\text{RKP-RKB})$$

$$ad_m = 64/5 (\text{Rot3P-Rot3B}) - 32/3 (\text{Rot2P-Rot2B}) - 47/5 (\text{RKP-RKB}) + 32/15 (\text{RKP'-RKB'}) + 1/2 (\text{PP-BB}) - 1/2 (\text{BP-PB}) - 4/15 ad_{mm}$$

4. Dominanzeffekte d:

$$\mathbf{d_i} = 8 \text{ F2} - 4 (\text{RKB} + \text{RKP}) \\ - 8 \mathbf{d_p} - 4 \mathbf{aa_p} - 8 \mathbf{dd_p}$$

$$\mathbf{d_m} = 32/3 (\text{Rot3B} + \text{Rot3P}) - 16 (\text{Rot2B} - \text{Rot2P}) + 35/6 (\text{RKB} + \text{RKP}) - 1/4 (\text{PP} + \text{BB}) \\ - 1/4 (\text{BP} + \text{PB}) \\ + 2 \mathbf{aa_{mm}} + 4 \mathbf{dd_{mm}}$$

$$\mathbf{d_{mm}} = 4 (\text{Rot3B} + \text{Rot3P}) - 5 (\text{Rot2B} + \text{Rot2P}) + 5/4 (\text{RKB} + \text{RKP}) - 1/4 (\text{BP} + \text{PB})$$

5. Additiv x Additiv-Interaktionen aa:

$$\mathbf{aa_i} = 16 \text{ F2} - 8 (\text{RKB} + \text{RKP}) - 4 (\text{RKB}' + \text{RKP}') + 2 (\text{PP} + \text{BB}) + 2 (\text{BP} + \text{PB}) \\ - 8 \mathbf{d_p} - 4 \mathbf{aa_p} - 8 \mathbf{dd_p}$$

$$\mathbf{aa_m} = 32 (\text{Rot3B} + \text{Rot3P}) - 56 (\text{Rot2B} + \text{Rot2P}) + 16 \text{ SYN} - 16 \text{ F2} + 26 (\text{RKB} + \text{RKP}) \\ - (\text{RKB}' + \text{RKP}') - 3/2 (\text{PP} + \text{BB}) + 1/2 (\text{BP} + \text{PB}) \\ + 10 \mathbf{d_p} + \mathbf{aa_p} + 4 \mathbf{dd_p} + 4 \mathbf{aa_{mm}} + 10 \mathbf{dd_{mm}}$$

6. Dominanz x Dominanz-Interaktionen dd:

$$\mathbf{dd_i} = -8 \text{ F2} + 4 (\text{RKB} + \text{RKP}) + 4 (\text{RKB}' + \text{RKP}') - 2 (\text{PP} + \text{BB}) - 2 (\text{BP} + \text{PB})$$

$$\mathbf{dd_m} = -80/6 (\text{Rot3B} + \text{Rot3P}) + 132/3 (\text{Rot2B} + \text{Rot2P}) - 8 \text{ SYN} + 8 \text{ F2} \\ - 55/3 (\text{RKB} + \text{RKP}) + \text{PP} + \text{BB} \\ - 4 \mathbf{d_p} - \mathbf{dd_p} - 4 \mathbf{aa_{mm}} - 9 \mathbf{dd_{mm}}$$

Es können mit den 14 zur Verfügung stehenden Zuchtgruppen insgesamt 12 (ohne  $\mu$ ) der 20 Geneffekte, die in der Tab. 3.13 beschrieben sind, geschätzt werden. Eindeutig geschätzt, d.h. ohne Vermengung mit anderen Parametern, können davon auf individueller Ebene die Additiv-Dominanz- sowie die Dominanz x Dominanz-Interaktionen, auf großmütterlicher Ebene die Dominanzeffekte.

Bei der Aufstellung der Linearkombinationen zeigt sich zunächst, dass allgemein eine Verbindung zwischen additiven Effekten und Additiv x Dominanz-Interaktionen besteht sowie zwischen Dominanzeffekten, Additiv-Additiv- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen, während es zwischen diesen beiden Gruppen von Effekten keinerlei Abhängigkeiten gibt.

Die Stärke der Abhängigkeiten der theoretisch schätzbaren Parameter untereinander ist letztendlich ausschlaggebend für die praktische Schätzbarkeit und somit für das erwartete Ausmaß der Abweichung der geschätzten Parameter von den wahren Parametern. Dieser Aspekt wird unter dem Punkt 3.5.3 Multikollinearität näher betrachtet.

### 3.5.2 Kreuzungseffekte nach dem Dickerson-Modell

Das Dickerson-Modell ist das gängigste Modell in der Tierzucht zur Schätzung von Kreuzungsparametern. Es wird hier u. a. aus dem Grund ausgewählt, um eine direkte Vergleichbarkeit mit den Ergebnissen von VALLE ZARATE (1996) herzustellen, die Kreuzungseffekte bei bestimmten Generationen derselben Population anhand des Dickerson-Modell schätzte.

Auch das Dickerson-Modell lässt sich aus dem allgemeinen Modell ableiten. Es beschreibt nur eine Art epistatischer Effekte, nämlich den Rekombinationsverlust  $r$ , der ein Maß für die Abweichung der linearen Beziehung zwischen Heterosis und dem Heterozygotiegrad darstellen soll (DICKERSON, 1973). Dieser Effekt stellt dem Autor zufolge den durchschnittlichen Anteil unabhängig segregierender Loci-paare in Gameten beider Eltern dar, von denen anzunehmen ist, dass sie keine in den Eltern vorkommenden Kombinationen repräsentieren.

Die Reparametrisierungsbedingungen ausgehend vom allgemeinen Modell sind folgende (WOLF & JAKUBEC, 1991):

$$g = A_1 = -A_2$$

$$h = D_{12} + \frac{1}{2} (AA)_{12}$$

$$r = \frac{1}{2} (AA)_{12}$$

$$D_{11} = D_{22} = AA_{11} = AA_{22} = AD^* = DD^* = 0; \quad (*: \text{sämtlich mögliche Allelkombinationen})$$

Referenzpopulation ist wiederum die Bolivianische Linie. Neben den Koeffizienten für die additiven Effekte stimmen auch die Koeffizienten für die Heterosiseffekte  $h$  mit denen der Dominanzeffekte  $d$  im Jakubec-Modell überein (siehe Tab. 3.14). Diese letzteren reflektieren den Heterozygotiegrad der jeweiligen Kreuzungskombination. Der Rekombinationsverlust repräsentiert unter den beschriebenen Restriktionen mathematisch gesehen Additiv x Additiv-Interaktionen.

**Tab. 3.14: Kreuzungseffekte im Dickerson-Modell. Table 3.14: Crossbreeding effects in the Dickerson model**

Paarungs- typ	Zucht- gruppe	μ	<i>Nachkommen</i> <sup>1</sup>			<i>individuell</i> <sup>1</sup>			<i>Paarungspartner</i> <sup>1</sup>			<i>maternal</i> <sup>1</sup>					
			<b>g<sub>nk</sub></b>	<b>h<sub>nk</sub></b>	<b>r<sub>nk</sub></b>	<b>g<sub>i</sub></b>	<b>h<sub>i</sub></b>	<b>r<sub>i</sub></b>	<b>g<sub>ap</sub></b>	<b>h<sub>ap</sub></b>	<b>r<sub>ap</sub></b>	<b>g<sub>m</sub></b>	<b>h<sub>m</sub></b>	<b>r<sub>m</sub></b>			
			individuell <sup>2</sup>			maternal <sup>2</sup>			paternal <sup>2</sup>			grandmaternal <sup>2</sup>					
			<b>g<sub>i</sub></b>	<b>h<sub>i</sub></b>	<b>r<sub>i</sub></b>	<b>g<sub>m</sub></b>	<b>h<sub>m</sub></b>	<b>r<sub>m</sub></b>	<b>g<sub>p</sub></b>	<b>h<sub>p</sub></b>	<b>r<sub>p</sub></b>	<b>g<sub>mm</sub></b>	<b>h<sub>mm</sub></b>	<b>r<sub>mm</sub></b>			
<i>Reinzuchten</i>			0	0	0							0	0	0			
<b>BBxBB</b>	<b>BB</b>	1				0			0						0		
<b>PPxPP</b>	<b>PP</b>	1				1			0						1		
<i>Reziproke F1</i>																	
<b>BP</b>	<b>BBxPP</b>	1				1/2			1						0		
<b>PB</b>	<b>PPxBB</b>	1				1/2			0						0		
<i>F2, Synthetics</i>																	
<b>F1xF1</b>	<b>F2</b>	1				1/2			1/2						1/2		
<b>SYNxSYN</b>	<b>SYN</b>	1				1/2			1/2						1/2		
<i>Rückkreuzungen</i>																	
<b>BBxF1</b>	<b>RKB</b>	1	1/4	1/2	1/4	1/2	1	0	0	0	0	0	0				
<b>PPxF1</b>	<b>RKP</b>	1	3/4	1/2	1/4	1/2	1	0	1	0	0	1/2	0	0			
<b>F1xBB</b>	<b>RKB'</b>	1	1/4	1/2	1/4	0	0	0	1/2	1	0	0	0	0			
<b>F1xPP</b>	<b>RKP'</b>	1	3/4	1/2	1/4	1	0	0	1/2	1	0	1	0	0			
<i>Rotationen</i>																	
<b>BBxRKP</b>	<b>Rot1B</b>	1	3/8	3/4	3/16	3/4	1/2	1/4	0	0	0	1/2	1	0			
<b>PPxRKB</b>	<b>Rot1P</b>	1	5/8	3/4	3/16	1/4	1/2	1/4	1	0	0	1/2	1	0			
<b>BBxRot1B</b>	<b>Rot2B</b>	1	5/16	5/8	15/64	5/8	3/4	3/16	1	0	0	1/4	1/2	1/4			
<b>PPxRot1P</b>	<b>Rot2P</b>	1	11/16	5/8	15/64	3/8	3/4	3/16	0	0	0	3/4	1/2	1/4			
<b>BBxRot2B</b>	<b>Rot3B</b>	1	11/32	11/16	55/256	11/16	5/8	15/64	1	0	0	3/8	3/4	3/16			
<b>PPxRot2P</b>	<b>Rot3P</b>	1	21/32	11/16	55/256	5/16	5/8	15/64	0	0	0	5/8	3/4	3/16			

<sup>1)</sup>: Bezug: Muttertier; <sup>2)</sup> Bezug: Nachkomme; Fettdruck: untersuchte Paarungstypen bzw. Zuchtgruppen im Gesamtdatenmaterial für Reproduktions-, Gesamtleistungs- bzw. Gewichts- und Wachstumsleistungsmerkmale; g: Additive Effekte, h: Heterosis, r: Rekombinationsverluste

### 3.5.2.1 Theoretische Schätzbarkeit der Kreuzungsparameter mit den verfügbaren Zuchtgruppen

Entsprechend den Ausführungen zum Jakubec-Modell, kann Tab. 3.14 als Designmatrix für die Kreuzungseffekte, die in den jeweiligen Zuchtgruppen zu erwarten sind, betrachtet werden.

Die Koeffizienten für die additiven (g) und Dominanz- bzw. Heterosiseffekte (d bzw. h) stimmen mit denen im Jakubec-Modell überein. Wie unter 3.5.1.1 beschrieben, gibt es bei der Schätzbarkeit der Parameter zwei Gruppen von Effekten, innerhalb derer eine gewisse Abhängigkeit besteht, nämlich die Gruppe der additiven Effekte und der Additiv x Dominanz-Interaktionen sowie die Gruppe der Dominanzeffekte, Additiv x Additiv-Interaktionen und Dominanz x Dominanz-Interaktionen.

Da bei den Reparametrisierungsbedingungen im Dickerson-Modell die Additiv x Dominanz-Interaktionen null gesetzt worden sind, besteht die erste Gruppe nur aus additiven Effekten, innerhalb derer eine Abhängigkeit zwischen den Effekten auf individuelle, maternaler, paternaler und großmütterlicher Ebene anzunehmen ist. Die Schätzbarkeit dieser Effekte entspricht der beim Jakubec-Modell beschriebenen. Die zweite Gruppe besteht aus sämtlichen nicht-additiven Effekten, nämlich den Heterosiseffekten h und den Rekombinationseffekten r.

1. Allgemeiner Mittelwert:  $\mu$  (Vergleichsbasis):

$$\mu = BB$$

2. Additiv-genetische Effekte g:

$$g_i = (PP-BB) - (BP-PB) - 2g_p$$

$$g_m = 16/5 (Rot3P-Rot3B) - 4 (Rot2P-Rot2B) - 1/5 (RKP-RKB) + 6/5 (RKP'-RKB') + g_p$$

$$g_{mm} = 16/5 (Rot3P-Rot3B) + 4 (Rot2P-Rot2B) - 4/5 (RKP-RKB) - 1/5 (RKP'-RKB'),$$

wobei  $3 (Rot3P-Rot3B) - 5/2 (Rot2P-Rot2B) + 1/2 (BP-PB) = 0$

3. Dominanz- bzw. Heterosiseffekte h:

$$h_i = 1/2 (PP+BB) - 1/2 (BP+PB)$$

$$h_m = -20/3 (Rot3B+Rot3P) + 11 (Rot2B+Rot2P) + 43/24 (RKB'+RKP') - 43/24 (RKB+RKP) - 2 SYN - 31/12 F2 - 55/48 (BP+PB) - 43/48 (PP+BB) - 2 r_{mm} + r_p$$

$$h_p = -20/3 (Rot3B+Rot3P) + 11 (Rot2B+Rot2P) + 55/24 (RKB'+RKP') - 55/24 (RKB+RKP) - 2 SYN - 31/12 F2 - 55/48 (BP+PB) - 43/48 (PP+BB) - 2 r_{mm} + r_p$$

4. Rekombinationseffekte r:

$$\mathbf{r_i} = \begin{array}{l} 80/3 \quad (\text{Rot3B+Rot3P}) \quad - \quad 44 \quad (\text{Rot2B+Rot2P}) \quad - \quad 49/6 \quad (\text{RKB'+RKP'}) \\ + \quad 49/6 \quad (\text{RKB+RKP}) + 8 \text{ SYN} + 37/3 \text{ F2} + 49/12 \quad (\text{BP+PB}) + 37/12 \quad (\text{PP+BB}) \\ + \quad 8 \mathbf{r_{mm}} - 4 \mathbf{r_p} \end{array}$$

$$\mathbf{r_m} = \begin{array}{l} -52/3 \quad (\text{Rot3B+Rot3P}) \quad + \quad 26 \quad (\text{Rot2B+Rot2P}) \quad + \quad 113/24 \quad (\text{RKB'+RKP'}) \\ - \quad 113/24 \quad (\text{RKB+RKP}) - 2 \text{ SYN} - 101/12 \text{ F2} - 113/48 \quad (\text{BP+PB}) - 101/48 \quad (\text{PP+BB}) \\ - \quad 6 \mathbf{r_{mm}} + \mathbf{r_p} \end{array}$$

Aus der Designmatrix (Tab. 3.14) lassen sich, wie durch die Null-Gleichung bei den additiven Effekten angedeutet wird, zumindest bei den additiven Effekten, unendlich viele Linearkombinationen aus den Zuchtgruppen entwickeln, mit denen dieselben Parameterabhängigkeiten ausgedrückt werden können.

**3.5.3 Multikollinearität**

Die Schätzung der Kreuzungsparameter soll durch Regressionsanalyse erfolgen, wobei die Leistung jedes einzelnen Tieres sowie, wenn möglich, die jeweiligen Verwandtschaftsbeziehungen berücksichtigt werden sollen. Auch Standard-Programme zur Schätzung von Kreuzungsparametern (ausgehend von Zuchtgruppenmittelwerten) wie das Programm CBE von WOLF (1995), das 14 Modelle für 2 Ausgangspopulationen und 18 Modelle für drei oder mehr Ausgangspopulationen anbietet, basieren auf der Regressionsmethode.

Bei jeder multiplen Regression ist es angebracht, die zu schätzenden Prädiktorvariablen auf Multikollinearität zu untersuchen, wobei unter Multikollinearität nach BORTZ (1993) die wechselseitige Abhängigkeit von Variablen im Kontext multivariater Verfahren zu verstehen ist. Multikollinearität in einer Regressionsanalyse liegt also vor, wenn die zufälligen Beobachtungen der unabhängigen Variablen oder Linearkombinationen davon hoch korreliert sind (NETER et al., 1993).

In Falle der genetischen Modelle ist die Abhängigkeit der einzelnen Kreuzungsparameter durch das genetische Modell an sich, durch die verfügbaren Zuchtgruppen sowie durch den Grad der Unbalanciertheit der einzelnen Zuchtgruppen bedingt.

NETER et al. (1993) führen folgende Konsequenzen der Multikollinearität an:

„1. The estimated regression coefficient  $b_k$  for independent variable  $X_k$  may vary substantially depending on which other independent variables are included in the model. Consequently, the value obtained for  $b_k$  in any particular fitted model does not indicate the effect of independent variable  $X_k$  on the mean response  $E\{Y\}$  in any absolute sense.

2. The estimated regression coefficients tend to have extremely large standard deviations, indicating that they vary widely in repeated samples. As a result, they will give very imprecise information about the regression parameters.

3. Fortunately, the difficulties just cited for regression coefficients generally do not carry over to inferences on  $Y$ . As long as inferences are made within the region of sample observations on the independent variables, multicollinearity usually causes no special problems in estimating a mean response or predicting a new observation.“

Weiterhin kann Multikollinearität nach PEDHAZUR, 1982, zitiert nach BORTZ (1993), zu Verzerrungen der Teststatistiken führen. Neben der gefährdeten rechnerischen Genauigkeit der b-Gewicht-Schätzungen (BELSLEY et al., 1980) erschwert Multikollinearität die Interpretation der b-Gewichte (BORTZ, 1993, Punkt 2 oben).



WERNER & WERNER (1984) führen noch einen weiteren Aspekt der Multikollinearität an, nämlich dass die Vorzeichen der Interkorrelation der  $\hat{b}$ -Werte und die der zugehörigen Interkorrelation der Variablen genau entgegengesetzt sind.

HOERL & KENNARD (1970a), die die Abweichung der  $X'X$ -Matrix von der Einheitsmatrix als Indikator für Multikollinearität beschreiben, veranschaulichen die Konsequenzen bei Anwendung der LS-Methode folgendermaßen: „Then the least squares estimates often do not make sense when put into the context of the physics, chemistry, and engineering of the process which is generating the data.“ Dies gilt genauso bei der Anwendung zur Schätzung von Kreuzungsparametern in der Tier- und Pflanzenzüchtung

### 3.5.3.1 Multikollinearitätsdiagnostik

Nach den beschriebenen Konsequenzen der Kollinearität stimmt man mit SNEE (1983) überein, dass es den Anwendern der Regressionsmethode eines Maßes der Kollinearität bedarf, das einfach zu berechnen und zu interpretieren ist.

Ein Maß für den Grad der Multikollinearität ist die Konditionszahl  $K^\# = I_M / I_m$  (MONTOMERY & PECK, 1992, VINOD & ULLAH, 1981, zitiert nach TRENKLER, 1986), oder auch Spektralkonditionszahl genannt (z.B. GUNST & MASON, 1977, zitiert nach WERNER & WERNER, 1984), also das Verhältnis vom größten zum kleinsten Eigenwert. „Je höher die Multikollinearität in einer Matrix von Daten ist, desto stärker streuen die Eigenwerte“ (WERNER & WERNER, 1984). Bezugspunkt ist hierbei die  $X'X$ -Matrix.

MONTGOMERY & PECK (1992), schlagen folgende Bewertungsskala vor:

- $K^\# < 100$ : Multikollinearität kann man vernachlässigen
- $100 \leq K^\# \leq 1000$ : mäßige bis starke Multikollinearität
- $K^\# > 1000$ : gravierende Multikollinearität

Ein weiteres Maß sind die sogenannten Varianz-Inflations-Faktoren (VIFS), (MARQUARDT, 1970). Es handelt sich dabei um die Elemente  $q_{jj}$  der Hauptdiagonalen der invertierten Korrelationsmatrix der standardisierten Regressoren  $(Z'Z)^{-1}$ . TRENKELR (1986) führt darüber aus:

„Für ein lineares Regressionsmodell der Form

$$y = \mathbf{b}_0 \mathbf{1} + \mathbf{W} \mathbf{b} + \mathbf{e}$$

gilt

$$V[\mathbf{b}_j] = \mathbf{s}^2 q_{jj}.$$

Mithin misst  $q_{jj}$  die Varianzinflation der Komponente  $\hat{\mathbf{b}}_j$  von  $\hat{\mathbf{b}}$ , die sich auf die Multikollinearität zurückführen lässt, GUNST/MASON (1980). Es gibt einen wichtigen Zusammenhang zwischen VIFS  $q_{jj}$  und dem Bestimmtheitsmaß  $R_j^2$  bei einer Regression von  $w_j$  auf die restlichen (standardisierten) Regressoren. Es gilt nämlich

$$q_{jj} = (1 - R_j^2)^{-1} \Leftrightarrow R_j^2 = 1 - q_{jj}^{-1}.$$

Die Bedeutung dieser  $(1 - R_j^2)^{-1}$ -Statistik wurde SNEE (1983) zufolge zuerst von Cuthbert Daniel (1961) erkannt und von MARQUARDT (1970) als Varianz-Inflations-Faktoren benannt. SNEE (1983) schlägt folgende Faustregel zur Einschätzung des Multikollinearitätsgrades vor:

„As a general rule we have found that least squares results are acceptable when the maximum VIF is less than 5 or 10. Larger values indicate that it is appropriate to consider the use of biased regression procedures ....“.

Das Ausmaß der linearen Abhängigkeiten lässt sich durch eine Eigenwert-Eigenvektor-Analyse von  $W'W$  nach GUNST & MASON (1980) erfassen: So führt TRENKLER (1986) u.a. dazu aus :

„Diejenigen (*Eigenvektor*)- Elemente  $\pi_{vm}$  , die im Betrag im Vergleich zu den anderen Elementen verhältnismäßig groß sind, definieren eine Multikollinearität. Wenn, sagen wir, die ersten drei Elemente  $|\pi_{1m}|$  ,  $|\pi_{2m}|$  und  $|\pi_{3m}|$  relativ groß sind, so kann die Abhängigkeit zwischen  $w_{.1}$  ,  $w_{.2}$  und  $w_{.3}$  beschrieben werden durch

$$w_{.1} \approx (\pi_{2m}/\pi_{1m}) w_{.2} + (\pi_{3m}/\pi_{1m}) w_{.3} .$$

Es ist dabei zu beachten, dass i.a. mindestens zwei große Elemente  $|\pi_{vm}|$  erwartet werden können, denn wenn es nur ein  $\pi_{vm} \approx \pm 1$  gibt, so folgt wegen 3.2.3)  $w_{.v} \approx 0$  . “

Für nähere Details bezüglich der Herleitung sei auf die Arbeit von TRENKLER (1986) verwiesen.

Im folgenden soll anhand der erläuterten Kriterien der Grad der Multikollinearität beim Jakubec- und Dickerson-Modell für die schätzbaren Parameter bestimmt werden.

Zunächst soll die lineare Abhängigkeit zwischen den einzelnen Kreuzungsparametern in den jeweiligen genetischen Modellen in Form der Pearson'schen Korrelationskoeffizienten für die vorliegende Datenstruktur (Beispiel: 14-Tage-Gewicht im 1. Wurf) sowie in einem balancierten Design dargestellt werden.

Diese Koeffizientenmatrix entspricht der Korrelationsmatrix der standardisierten Regressoren  $Z'Z$  (Tab. 3.15 und 3.16).

**Tab. 3.15 Korrelationen zwischen den schätzbaren Kreuzungsparametern im Jakubec-Modell. Table 3.15: Correlations between estimable crossbreeding parameters in the Jakubec Model**

	$g_i$	$d_i$	$ad_i$	$aa_i$	$dd_i$	$g_m$	$d_m$	$ad_m$	$aa_m$	$dd_m$	$g_{mm}$	$d_{mm}$
$g_i$	1	0.06	-0.40	-0.06	0.06	<b>0.73</b>	0.04	0.30	0.04	0.04	<b>0.88</b>	0
$d_i$	0	1	0	<b>0.92</b>	<b>0.95</b>	0.07	<b>0.50</b>	0	0.52	0.53	0.07	<b>0.51</b>
$ad_i$	<b>-0.65</b>	0	1	0	0	0.06	0	<b>-0.81</b>	0	0	-0.37	0
$aa_i$	0	<b>0.87</b>	0	1	<b>0.99</b>	0.07	<b>0.67</b>	0	<b>0.75</b>	<b>0.74</b>	0.06	<b>0.59</b>
$dd_i$	0	<b>0.91</b>	0	<b>0.99</b>	1	0.07	<b>0.67</b>	0	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	0.07	<b>0.60</b>
$g_m$	<b>0.55</b>	0	-0.13	0	0	1	0	-0.25	0	0.02	<b>0.86</b>	0
$d_m$	0	0.09	0	0.39	0.36	0	1	0	<b>0.94</b>	<b>0.96</b>	0	<b>0.56</b>
$ad_m$	0.36	0	<b>-0.66</b>	0	0	-0.25	0	1	0	0	0.28	0
$aa_m$	0	0.12	0	0.45	0.41	0	<b>0.95</b>	0	1	<b>0.996</b>	0	<b>0.73</b>
$dd_m$	0	0.12	0	0.44	0.41	0	<b>0.97</b>	0	<b>0.998</b>	1	0	<b>0.73</b>
$g_{mm}$	<b>0.74</b>	0	-0.49	0	0	<b>0.85</b>	0	0.28	0	0	1	0
$d_{mm}$	0	0.24	0	0.34	0.35	0	0.35	0	<b>0.56</b>	<b>0.55</b>	0	1

Oberhalb der Diagonalen: Korrelationskoeffizienten für das Merkmal 14-Tage-Gewicht; unterhalb der Diagonalen: Korrelationskoeffizienten bei balancierten Daten. Fettdruck:  $r \geq 0.5$

**Tab. 3.16 Korrelationen zwischen den schätzbaren Kreuzungsparametern im Dickerson-Modell. Table 3.16: Correlations between estimable crossbreeding parameters in the Dickerson Model**

	$g_i$	$h_i$	$r_i$	$g_m$	$h_m$	$r_m$	$h_p$	$g_{mm}$	$h_{mm}$	$r_{mm}$
$g_i$	1	0.06	0.04	<b>0.73</b>	0.04	0	0.04	<b>0.83</b>	0	0
$h_i$	0	1	0.41	0	<b>0.50</b>	0.34	0.13	0.07	<b>0.51</b>	0.35
$r_i$	0	0.02	1	0	<b>0.70</b>	<b>0.74</b>	<b>0.68</b>	0	<b>0.51</b>	<b>0.74</b>
$g_m$	<b>0.55</b>	0	0	1	0	0	0.03	<b>0.91</b>	0	0
$h_m$	0	0.09	<b>0.63</b>	0	1	0.41	0.16	0	<b>0.56</b>	0.43
$r_m$	0	0.13	0.49	0	0.27	1	0.21	0	<b>0.78</b>	<b>0.99</b>
$h_p$	0	-0.10	<b>0.57</b>	0	-0.13	-0.10	1	0.03	-0.10	0.19
$g_{mm}$	<b>0.74</b>	0	0	<b>0.85</b>	0	0	0	1	0	0
$h_{mm}$	0	0.24	0.28	0	0.35	<b>0.82</b>	-0.29	0	1	<b>0.76</b>
$r_{mm}$	0	0.12	0.49	0	0.29	<b>0.98</b>	-0.11	0	<b>0.79</b>	1

Oberhalb der Diagonalen: Korrelationskoeffizienten für das Merkmal 14-Tage-Gewicht; unterhalb der Diagonalen: Korrelationskoeffizienten bei balancierten Daten. Fettdruck:  $r \geq 0.5$

Während Abhängigkeiten beim Jakubec-Modell vor allem die Dominanz-, Additiv x Additiv- und Dominanz x Dominanz-Effekte innerhalb einer Generationsstufe (individuell oder maternal) betreffen mit Korrelationskoeffizienten zwischen 0.9 und 1, wobei die Beziehungen zwischen Additiv x Additiv- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen am stärksten sind (Tab. 3.15), sind beim Dickerson-Modell die Korrelationen zwischen den verschiedenen Generationsstufen (v.a. bei Rekombinations- und additiven Effekten) am höchsten (Tab. 3.16). Diese Abhängigkeiten sind auch bei einem balancierten Design in fast gleichem Ausmaße gegeben.

In der folgenden Tabelle wird der Multikollinearitätsgrad durch für verschiedene Parameterkombinationen im Falle eines balancierten Designs sowie für die aktuelle Datenstruktur ermittelt. Gleichzeitig soll der Impact der Multikollinearität auf die Schätzwerte am Beispiel des 14-Tage-Gewichtes demonstriert werden.

**Tabelle 3.17a: Konditionszahl  $K^\#$  und maximale Varianz-Inflations-Faktoren ( $VIF_{\max}$ ) bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Jakubec-Modell.**

Parameterkombination	$K^\#$ <sup>1</sup>	$K^\#$ <sup>2</sup>	$VIF_{\max}$ <sup>1</sup>	$VIF_{\max}$ <sup>2</sup>
(1) $g_i, d_i, ad_i, g_m, d_m$	25	14	6.8	3.8
(2) $g_i, d_i, aa_i, g_m, d_m$	9	45	2.7	10.7
(3) $g_i, d_i, dd_i, g_m, d_m$	41	87	10.7	20
(4) $g_i, d_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m$	41	2076	10.7	385.6
(5) $g_i, d_i, ad_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m$	657	2082	133.3	386.5
(6) $g_i, d_i, ad_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m, dd_m$	728	2508	133.3	389.9
(7) $g_i, d_i, ad_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m, aa_m, dd_m$	8148	17225	1102.0	1646.9
(8) $g_i, d_i, ad_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m, aa_m, dd_m, ad_m$	8148	17231	1102.0	1648.7
(9) $g_i, d_i, ad_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m, aa_m, dd_m, ad_m, g_{mm}$	8148	17262	1102.0	1648.8
(10) $g_i, d_i, ad_i, aa_i, dd_i, g_m, d_m, aa_m, dd_m, ad_m, g_{mm}, d_{mm}$	139992	206552	21814.3	24504.1

<sup>1)</sup> Balanciertes Design <sup>2)</sup> Aktuelles Design (unbalanciert)

**Tab. 3.17b: GLS-Parameterschätzwerte mit Standardfehler bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Jakubec-Modell am Beispiel des 14-Tage-Gewichtes.**

Parameter	GLS-Schätzwerte mit Standardfehler (s.e.); $\mu = 147.5$									
	(1)	s.e.	(2)	s.e.	(3)	s.e.	(4)	s.e.	(5)	s.e.
$g_i$	22.7	6.0	20.9	5.0	21.5	5.0	19.8	5.0	22.3	6.0
$d_i$	5.6	2.5	-7.5	8.0	5.3	10.7	44.5	13.0	44.8	13.0
$ad_i$	4.1	11.0							8.49	11.0
$aa_i$			25.0	14.5			247.0	46.0	249.6	46.1
$dd_i$					0.3	9.9	-160.0	31.5	-161.6	31.5
$g_m$	15.6	3.3	16.7	2.6	16.4	2.6	17.9	2.6	16.3	3.3
$d_m$	1.5	2.2	-1.2	2.8	1.6	2.9	4.1	3.0	4.0	3.0

**Tab. 3.17b: Fortsetzung.**

Parameter	GLS-Schätzwerte mit Standardfehler (s.e.); $\mu = 147.5$									
	(6)	s.e.	(7)	s.e.	(8)	s.e.	(9)	s.e.	(10)	s.e.
$g_i$	22.3	6.0	22.7	6.0	22.8	6.0	23.4	6.09	24.2	6.0
$d_i$	29.1	14.8	29.0	14.8	29.0	14.8	30.4	14.8	27.5	15.0
$ad_i$	10.8	11.0	11.1	11.1	23.9	16.8	21.8	16.9	23.1	16.9
$aa_i$	255.2	46.2	247.1	60.5	250.9	60.6	255.8	60.7	245.4	61.5
$dd_i$	-147.3	32.2	-143.0	38.2	-145.1	38.2	-148.8	38.3	-141.2	39.0
$g_m$	16.5	3.3	16.6	3.3	18.3	3.7	62.6	27.9	71.8	29.2
$d_m$	32.7	13.2	35.6	19.0	31.3	19.5	22.2	20.3	140.4	114.9
$dd_m$	-30.5	13.6	-44.3	67.8	-28.1	69.6	2.4	72.2	-295.8	294.1
$aa_m$			-22.6	108.5	-1.7	111.2	-44.9	114.4	315.9	363.4
$ad_m$					25.2	25.0	172.3	95.0	209.2	101.4
$g_{mm}$							-44.4	27.7	-53.6	29.0
$d_{mm}$									37.6	36.0

**Tabelle 3.18a: Konditionszahl  $K^\#$  und maximale Varianz-Inflations-Faktoren ( $VIF_{\max}$ ) bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Dickerson-Modell.**

Parameterkombination	$K^\#$ <sup>1</sup>	$K^\#$ <sup>2</sup>	$VIF_{\max}$ <sup>1</sup>	$VIF_{\max}$ <sup>2</sup>
----------------------	---------------------	---------------------	---------------------------	---------------------------

(1) $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m$	4.5	8.0	1.7	2.2
(2) $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m, r_m$	6.4	16.7	2.1	3.9
(3) $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m, r_m, g_{mm}$	23.4	37.9	6.0	8.8
(4) $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m, r_m, g_{mm}, h_{mm}$	27.2	70.4	6.0	8.8
(5) $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m, r_m, g_{mm}, h_{mm}, r_{mm}$	211.5	430.1	37.5	63.4
(6) $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m, r_m, g_{mm}, h_{mm}, h_p$	11 193.8	18 054.3	2043.7	2942.1

<sup>1)</sup> Balanciertes Design; <sup>2)</sup> Aktuelles Design (unbalanciert)

**Tabelle 3.18b: GLS-Parameterschätzwerte mit Standardfehler bei verschiedenen Parameterkonstellationen im Dickerson-Modell am Beispiel des 14-Tage-Gewichtes.**

Para- meter	GLS-Schätzwerte mit Standardfehler (s.e.), $\mu = 147.5$											
	(1)	s.e.	(2)	s.e.	(3)	s.e.	(4)	s.e.	(5)	s.e.	(6)	s.e.
$g_i$	20.1	5.0	20.8	5.0	20.4	5.6	19.9	5.6	20.9	5.6	20.9	5.6
$h_i$	5.0	2.5	6.3	2.6	6.3	2.6	9.1	2.8	8.6	2.8	8.6	2.8
$r_i$	12.5	7.3	28.6	9.8	28.5	9.8	18.0	10.4	17.3	10.4	478.9	267.9
$g_m$	16.7	2.6	17.1	2.6	16.8	3.3	20.3	3.5	18.9	3.6	18.9	3.6
$h_m$	-1.2	2.8	-3.7	2.9	-3.6	3.0	1.4	3.4	2.8	3.5	-112.6	66.3
$r_m$			-26.6	10.8	-26.5	10.9	4.3	15.1	56.0	33.6	-290.2	171.7
$g_{mm}$					0.72	4.7	-2.7	4.8	-1.6	4.9	-1.6	4.9
$h_{mm}$							-20.7	7.0	-22.8	7.1	34.9	33.0
$r_{mm}$									-57.7	33.5		
$h_p$											-115.4	67.0

Wie aus den Maßzahlen für die Multikollinearität hervorgeht, liegt bei Modellen mit allen theoretisch schätzbaren Parameter sowohl im Jakubec-Modell als auch im Dickerson-Modell, ob balanciert oder unbalanciert, ein sehr hoher Multikollinearitätsgrad vor. Sämtliche oben angeführten Konsequenzen der Multikollinearität werden am Zahlenbeispiel demonstriert: Variation von  $b_k$  bei Aufnahme einer zusätzlichen Variable ins Modell, sehr hohe Standardabweichungen, die Vorzeichen der Interkorrelation der  $\hat{b}$ -Werte und schließlich das Problem der Interpretierbarkeit.

Der Multikollinearitätsgrad im Jakubec-Modell für das aktuelle Design erhöht sich sprunghaft von den vorgeschlagenen Grenzwerten ( $K^\# < 100$ ,  $VIF_{\max}$  zwischen 5 und 10), wenn Additiv-Additiv- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen gleichzeitig geschätzt werden sollen (Parameterkombination 4). Das Zahlenbeispiel verdeutlicht, dass dies mit der herkömmlichen unverzerrten Regressionsmethode wenig Sinn macht. Für die Aufnahme weiterer Parameter ins Modell gilt dies um so mehr.

Der Grad der Multikollinearität ist im Dickerson-Modell nicht so stark ausgeprägt wie im Jakubec-Modell. Trotz relativ niedriger Maßzahlen bei der Aufnahme des maternalen Rekombinationseffektes  $r_m$  in das Modell (Parameterkombination 2:  $K^\# = 17$ ,  $VIF_{\max} = 4$ ), zeigt sich hier eine deutliche Auswirkung auf den Schätzwert von  $r_i$ .

Die bisher besprochene Multikollinearitätsdiagnostik basiert ausschließlich auf der standardisierten Regressorenmatrix. Ausgehend von der gesamten multiplen Regressionsgleichung erwähnt BORTZ (1993) im Zusammenhang mit Multikollinearität Suppressioneffekte, die die Ursache für erhöhte Vorhersagebeiträge bestimmter Variablen sein können. Über eine Suppressorvariable und deren Identifikation liefert er folgende Definitionen:

„Eine Suppressorvariable ist eine Variable, die den Vorhersagewert einer (oder mehrerer) anderer Variablen erhöht, indem sie irrelevante Varianzen in der (den) anderen Prä-

diktorvariablen unterdrückt. Eine Prädiktorvariable  $i$  ist eine Suppressorvariable, wenn ihre Nützlichkeit<sup>1</sup> größer ist als ihre quadrierte Validität<sup>2</sup>. Der Effekt einer Suppressorvariablen besteht darin, dass sie die Nützlichkeit anderer Prädiktorvariablen erhöht.“

Das Problem der Multikollinearität soll an dieser Stelle nicht weiter erörtert werden. Der interessierte Leser findet in den Anhangstabellen (Tab. A7-A8) die entsprechenden Matrizen der Eigenwert-Eigenvektor-Analyse mit der Inversen von  $Z'Z$  zu den aufgeführten Parameterkonstellationen, aus denen nähere Details zu den Abhängigkeiten zwischen den verschiedenen Parametern hervorgehen.

### 3.5.3.2 Maßnahmen beim Vorliegen von Multikollinearität

Die Ursachen der Multikollinearität können i.a. sehr verschiedener Herkunft sein. In der Regel liegt die Ursache nach FOX (1984 und 1991) in der Versuchsanlage. Bezüglich der verschiedenen Strategien, die bei kollinearen Daten eingesetzt werden können, schreibt er (FOX, 1991):

„Although there are several strategies for dealing with collinear data, none magically extracts nonexistent information from the data. Rather the research problem is redefined, often implicitly. Sometimes the redefinition is reasonable; usually it is not. The ideal solution to the problem of collinearity is to collect new data in such a manner that the problem is avoided - for example, by experimental manipulation of the  $x$ s.“

Die Strategien, die in u.a. Betracht kommen können, sind nach FOX (1984) folgende:

- Respezifizierung des Modells
- Verwendung von Prior-Informationen
- Selektion bestimmter unabhängiger Variablen (Eliminierung von Regressoren, die die Multikollinearität verursachen) und
- Ridge Regression.

Für die Auswahl der besten Prädiktoren wird häufig die Technik der schrittweisen Regression angewandt, die u.a. nach FOX (1984, 1991) und BORTZ (1993) in der Praxis häufig „missbraucht“ wird. BORTZ (1993) schlägt daher folgende Vorgehensweise vor:

„Statt dem Computer die beste Auswahl der „besten“ Prädiktorvariablen zu überlassen, plädieren wir dafür, den Einsatz der schrittweisen Regressionstechnik theoretisch vorzustrukturieren. Hilfreich hierfür ist eine inhaltlich begründete Vorabgruppierung der Prädiktoren in unabhängige, redundante und suppressive Variablen. ...“

Verzerrte Schätzverfahren können eine gute Alternative zur unverzerrten LS-Schätzung bei Vorliegen von Multikollinearität sein. TRENKLER (1986) definiert ausgehend vom Ansatz von OBENCHAIN (1975, 1978) den verallgemeinerten Ridge-Schätzer wie folgt:

$$\hat{\mathbf{b}}(\Delta_r) = \mathbf{P}_r \Delta_r \mathbf{P}_r' \tilde{\mathbf{b}}$$

$r \leq p$ ,  $\Delta_r = \text{diag}(\delta_1, \dots, \delta_r)$  mit  $\delta_j \in [0,1]$ ;  $\tilde{\mathbf{b}}$ : irgendeine Lösung der Normalgleichung.

<sup>1</sup> „Die Nützlichkeit  $U_{k+1}$  einer Prädiktorvariablen  $k+1$  gibt an, um welchen Betrag die quadrierte multiple Korrelation erhöht wird, wenn eine Regressionsgleichung mit  $k$  Prädiktoren um den Prädiktor  $k+1$  erweitert wird“ (BORTZ, 1993).

<sup>2</sup> Die Validität einer Prädiktorvariablen  $i$  kennzeichnet deren Korrelation mit der Kriteriumsvariablen ( $r_{ic}$ ). Die multiple Korrelation ist immer grösser oder zumindest genauso gross wie die grösste Validität“ (BORTZ, 1993).

Am bekanntesten ist der einfache Ridge-Schätzer nach HOERL & KENNARD (1970a,b), BROWN (1978) zitiert nach TRENKLER (1986).

$$\begin{aligned} \text{(a)} \quad \hat{\mathbf{b}}(k) &= [\mathbf{X}'\mathbf{X} + k\mathbf{I}_p]^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{Y}; \quad k \geq 0, \\ &= [\mathbf{X}'\mathbf{X} + k\mathbf{I}_p]^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{X}\hat{\mathbf{b}} \\ &= \mathbf{P}(\Lambda + k\mathbf{I}_p)^{-1}\Lambda\mathbf{P}'\hat{\mathbf{b}}; \quad \Delta = (\Lambda + k\mathbf{I}_p)^{-1}\Lambda \end{aligned}$$

Zur empirischen Ermittlung des k-Wertes schlagen HOERL & KENNARD (1970b) das Verfahren der Ridge-Trace vor, worunter die graphische Darstellung der Ridge-Schätzungen (Ordinate) und der k-Werte (Abszisse) zu verstehen ist (WERNER & WERNER, 1984).

HOERL & KENNARD (1970a,b) betrachten weitergehend

$$\begin{aligned} \text{(b)} \quad \hat{\mathbf{b}}(K) &= [\mathbf{X}'\mathbf{X} + \mathbf{PKP}]^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{Y}; \quad \Delta = (\Lambda + K)^{-1}\Lambda \\ K &= \text{diag}(k_1, \dots, k_p) \text{ mit } k_j \geq 0; \end{aligned}$$

ziehen aber aus Gründen der praktischen Anwendbarkeit ein einheitliches k (a) vor.

Dieses Verfahren wurde in der Tierzucht in Anlehnung an die Artikel von HOERL & KENNARD (1970a,b) von SCHULTE-COERNE (1976) ausführlich beschrieben und parallel mit der LS-Methode zur Schätzung von Kreuzungsparametern angewandt. ESSL et al. (1987) verwendeten ebenfalls diese klassische Form der Ridge-Regression, um einen Anhaltspunkt über eventuelle Über- oder Unterschätzungen bei den LS-Schätzwerten bei Vorliegen von Multikollinearität zu erhalten. Für sie hat dieses Verfahren folgende Nachteile:

- es gibt keine eindeutigen Bestimmungskriterien für einen optimalen k-Wert
- die Testeffizienz nimmt ab
- die berechneten Schätzwerte sind nicht mehr erwartungstreu.

Der „Stabilitätsbereich“ der Ridge-Trace ist in der Tat sehr umstritten. In erster Linie, weil es sich dabei um ein subjektives Kriterium handelt und die Wahl von k vom jeweiligen Betrachter abhängt. Zum anderen hängt die Trace von der zugrundegelegten Datentransformation (Roh-, zentrierte oder standardisierte Daten) sowie von der Art der Skala, auf der die Ridge-Trace gezeichnet wird (linear, logarithmisch) ab. Viele Kritiker halten daher das Auffinden von Stabilitätsbereichen mehr für eine subtile Kunst denn eine Wissenschaft (TRENKLER, 1986).

Nach TRENKLER (1986) „ist keine Theorie entwickelt, die es erlaubt, statistische Parameter-tests beruhend auf GRE (Generalized Ridge Estimator) durchzuführen, da über die Verteilung der bekannten Teststatistiken nichts ausgesagt werden kann. GUNST/MASON (1980) schlagen die Verwendung von symbolischen ANOVA-Tabellen vor, bei denen so getan wird, als ob die auf der Ridge-Schätzung basierende Teststatistik dieselbe Verteilung besitzt wie die auf OLS beruhende. ....“

In bezug auf den dritten Kritikpunkt stellt die Unverzerrtheit nur eine von mehreren Güteeigenschaften dar. TRENKLER (1986) beschreibt in seinem ersten Kapitel unkonventionelle Ansätze von  $\beta$  und wirft die Frage auf, ob die dort definierten Eigenschaften von Schätzungen (Bias, quadriert Bias, Varianz-Kovarianz-Matrix, Matrix der mittleren quadratischen Fehler (MSE-Matrix), Totalvarianz, mittlerer quadratischer Fehler (MSE), gewichteter mittlerer quadratischer Fehler) als falscher oder richtiger im Vergleich zur Unverzerrtheit bezeichnet werden können, was er verneint.

Neben der Beschreibung weiterer Beispiele verallgemeinerter Ridge-Schätzer entwickelt

TRENKLER (1986) objektive Stabilitätskriterien wie die gewichtete Instabilität der Ridge-Trace (WIRT) und den (gewichteten) Maximalpunkt der Instabilität der Ridge-Trace (PMIRT), siehe auch TRENKLER & TRENKLER (1995).

Bei seiner Simulationsstudie, in der TRENKLER (1986) 86 Verfahren unter verschiedenen Bedingungen (Multikollinearität, Wahl von  $\beta$  und  $\sigma$ , Verteilung der Störgrößen  $e$ ) im Hinblick auf die Güte der Schätzung untersucht, schneiden der Hauptkomponentenschätzer (MARQUARDT, 1970),

$$\hat{\mathbf{b}}(\Delta_s) = \mathbf{P}\Delta_s\mathbf{P}'\hat{\mathbf{b}}; \quad \Delta_s = \begin{pmatrix} \mathbf{I}_{p-s} & \mathbf{o} \\ \mathbf{o} & \mathbf{o} \end{pmatrix}$$

und der auf dem Stabilitätskriterium beruhende Hybridschätzer (TRENKLER, 1986)

$$\hat{\mathbf{b}}_A(\kappa) = \mathbf{P}\mathbf{A}^\kappa\mathbf{P}'\hat{\mathbf{b}}; \quad \kappa \geq 0; \mathbf{A} = \text{diag}(\alpha_1, \dots, \alpha_p) \text{ mit } \alpha_j \in [0,1].$$

am besten ab; die OLS-Schätzung hingegen ist nie unter den besten 25 Schätzungen zu finden.

Nach dem heutigen Stand können verzerrte Schätzverfahren also offensichtlich eine echte Alternative zu unverzerrten Schätzverfahren sein und zwar nicht nur bei Multikollinearitätsproblemen.

Die Entwicklungen auf dem Gebiet verzerrter Schätzverfahren gehen weiter. So stellen z.B. BAKSALARY et al. (1990) die Möglichkeit des Tests eines Ridge-Parameters dar, GNOT et al. (1995) beschreiben ein iteratives Verfahren für den nicht-negativen minimal verzerrten Schätzer, u.a. Schließlich sei noch einmal auf die Arbeit von TRENKLER (1986) verwiesen, die neben den erwähnten Aspekten noch viele andere enthält und als Standardwerk bezüglich verzerrter Schätzverfahren im linearen Modell betrachtet werden kann.

In der vorliegenden Untersuchung ist das Multikollinearitätsproblem für die Schätzung aller theoretisch schätzbaren Parameter sowohl im Jakubec- als auch im Dickerson-Modell durch das genetische Modell per se gegeben und wird durch die unbalancierte Datenstruktur verschärft. Die durch LS-Verfahren erhaltenen Schätzwerte für die betroffenen Parameter sind zwar erwartungstreu aber nicht brauchbar.

Bevor darüber entschieden wird, welches Schätzverfahren zum Einsatz kommt, stellt sich die Frage, ob es überhaupt notwendig ist, alle theoretisch schätzbaren Parameter zu schätzen. Insofern sollen im folgenden die einzelnen Parameter bezüglich ihrer zu erwartenden Bedeutung vorab eingestuft werden.

Was die Gewichts- und Wachstumsleistung betrifft, so ist davon auszugehen, dass die Kreuzungseffekte auf individueller und maternaler Ebene am bedeutendsten sind. Großmütterliche Effekte können u.U. zwar wichtig sein, in der Regel ist jedoch zu erwarten, dass sie eher eine untergeordnete Rolle spielen. Die paternalen Effekte sind mit Ausnahme der paternalen Heterosis ( $h_p$ ) mit individuellen und maternalen vermischt und folglich darin enthalten (siehe Punkte 3.5.1.1 und 3.5.2.1). Eine getrennte Schätzung ist hier nicht möglich, jedoch wird deren Bedeutung auch eher zu vernachlässigen sein.

Bei den Reproduktions- und Gesamtleistungsmerkmalen sollen die Nachkommen- und die individuelle Ebene in den Vordergrund gestellt werden. Die Effekte des Paarungspartners sind entsprechend der paternalen Effekte bei der Wachstumsleistung dabei miteingefasst.

Beim Dickerson-Modell führt bereits die Selektion auf der Basis der auszuwählenden Ebenen zu einem die Maßzahlen betreffend hinnehmbaren Multikollinearitätsgrad. Die zu schätzenden Parameter wären dann folgende:



$g_i (+2g_p)$ ,  $h_i$ ,  $r_i (-8r_{mm}+4r_p)$ ,  $g_m (-g_p)$ ,  $h_m (+2r_{mm}-r_p)$ ,  $r_m (+6r_{mm}-r_p)$ .

Jedoch scheint nach dem Zahlenbeispiel die Aufnahme von  $r_m$  ins Modell eine nicht zu vernachlässigende Instabilität von  $r_i$  mit sich zu bringen (Tab. 3.18b). Da anzunehmen ist, dass die Bedeutung epistatischer Effekte auf individueller Ebene bei Merkmalen der Wachstumsleistung größer ist als auf maternaler Ebene, wird hier den individuellen Rekombinationseffekten der Vorrang gegeben. So kommen bei einem unverzerrten Schätzverfahren nur die folgenden 5 Parameter mit den entsprechenden Vermengungen, die im folgenden nicht mehr extra miterwähnt werden, in Betracht:  $g_i$ ,  $h_i$ ,  $r_i$ ,  $g_m$  und  $h_m$ .

Beim Jakubec-Modell hingegen mit drei Typen von epistatischen Effekten genügt die Beschränkung auf die individuelle und maternale Ebene, um ein unverzerrtes Schätzverfahren anwenden zu können, nicht. Die Multikollinearität ist hauptsächlich durch die Abhängigkeit zwischen Additiv x Additiv- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen innerhalb Generationsebene bedingt, während Additiv x Dominanz-Interaktionen diesbezüglich kaum beteiligt sind. Doch soll die Selektion in erster Linie nach der Bedeutung der einzelnen Effekte erfolgen. Hierbei wären zunächst die Additiv x Dominanz-Interaktionen zu vernachlässigen, deren theoretisches Ausmaß maximal 1/8 beträgt (Tab. 3.13). Diesem Kriterium zufolge könnten Dominanz x Dominanz-Interaktionen von größerer Bedeutung sein als Additiv x Additiv-Interaktionen.

NITTER (1985) meint zwar, dass in Reinzuchtpopulationen, in denen stets Selektion (natürliche oder künstliche) wirksam ist, Epistasie in Form von Additiv x Additiv-Interaktionen zu berücksichtigen sei. Doch auch wenn Additiv x Dominanz- und Dominanz x Dominanz-Formen der Epistasie von der Selektion, wie er schreibt, unberührt bleiben sollten, können sie eine Rolle spielen. Sein Argument mag für ingezüchtete Populationen (wie z.B. die Inzuchtlinien beim Meerschweinchen von Sewall Wright (KINGHORN, 1987) zutreffen; aber selbst KINGHORN (1987) räumt ein: „It would be naive to predict that all, or even most epistatic interactions are additive x additive in nature ....“. AUMANN (1986) stellt bei Mäusen fest, dass sowohl Additiv x Additiv- als auch Dominanz x Dominanz-Interaktionen je nach Linienkreuzung in Abhängigkeit vom Selektionsmerkmal von Bedeutung sein können. Auch BIDANEL (1993) findet diese beiden Formen von Epistasie bei Schweinen vor, jedoch in Abhängigkeit vom untersuchten Merkmal. Insofern sollen sowohl Additiv x Additiv- als auch Dominanz x Dominanz-Interaktionen bei der vorliegenden Untersuchung der Bedeutung von epistatischen Effekten in Betracht gezogen werden.

Entsprechend dem Dickerson-Modell werden epistatische Effekte auf maternaler Ebene vernachlässigt, so dass folgende Kreuzungseffekte geschätzt werden sollen:  $g_i$ ,  $d_i$ ,  $aa_i$ ,  $dd_i$ ,  $g_m$ ,  $d_m$ . Wie aus den Tabellen 3.17a,b ersichtlich ist, liegt bei dieser Parameterkonstellation (4) bei der aktuellen Datenstruktur schwere Multikollinearität vor, so dass es anhand eines unverzerrten Schätzverfahrens unmöglich ist, „vernünftige“ Schätzwerte für die Additiv x Additiv- und Dominanz x Dominanz-Interaktionen bei gleichzeitiger Schätzung zu erhalten. Auch bei der Berücksichtigung von ausschließlich Additiv x Additiv- oder Dominanz x Dominanz-Interaktionen liegen die entsprechenden maximalen Varianz-Inflations-Faktoren über dem vorgeschlagenen Grenzwert von 5 bis 10, was bei der Interpretation zu berücksichtigen ist.

Den obigen Ausführungen zufolge bietet sich ein verzerrtes Verfahren zur Schätzung der Kreuzungsparameter in Kombination mit einer gewissen Selektion von Parameter geradezu an. Zur Minderung des Rechenaufwandes sowie zur gezielten Herausstellung von Parametern für praktische Züchtungsmethoden und -strategien beschränkt sich diese Arbeit jedoch auf ein unverzerrtes Schätzverfahren mit einer entsprechenden Parameterselektion, die gewährleisten soll, dass zum einen die wichtigsten Parameter erfasst sind und diese den wahren Parametern möglichst nahe kommen. Für die vorliegende Untersuchung wurden die folgenden Parameterkonstellationen mit

jeweils 5 Parametern ausgewählt:

Jakubec-Modell (JA):

JAaa:  $g_i, d_i, aa_i, g_m, d_m$       bzw.  $g_{nk}, d_{nk}, aa_{nk}, g_i, d_i$

JAdd:  $g_i, d_i, dd_i, g_m, d_m$       bzw.  $g_{nk}, d_{nk}, dd_{nk}, g_i, d_i$

Dickerson-Modell (D)

D:  $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m$       bzw.  $g_{nk}, h_{nk}, r_{nk}, g_i, h_i$

### 3.6 Statistische Analyse

#### 3.6.1 Datenmaterial

Ursprünglich vorgesehen war die Auswertung des gesamten Datenmaterials der Generationen 4 und 5, das selbst im Projekt Mejocuy miterfasst wurde und für das auch das notwendige Hintergrundwissen vorliegt. Bei der Generation 5 trat jedoch im April 1993 eine bakterielle Infektionskrankheit auf (*Bacillus cereus*, *Klebsiella p. var. oxitoca*; Labor „FENIX“, 1993), von der in besonderem Maße die Zusatzanpaarungen II, d.h. die von SÖLKNER (1993b) optimierten freien Zuchtgruppen, betroffen waren. Die Krankheit führte zu hohen Mortalitätsraten bei Zuchttieren und Nachkommen sowie zu beträchtlichen Gewichtsverlusten bei den Jungtieren zwischen Geburt und Absetzen, so dass auf das gesamte Datenmaterial der Zusatzanpaarungen II, was Gewichts-, Wachstums- und Reproduktionsmerkmale betrifft, verzichtet werden musste.

Durch diesen Verlust der für die Schätzung von bestimmten Kreuzungsparametern ( $hm$ ,  $ri$ ) wichtigen Zuchtgruppe F1xF1 bzw. F2 wurde in Erwägung gezogen, Daten aus vorhergehenden Generationen mitzuberechnen. Zur Verfügung standen die Rohdaten sämtlicher Zuchtgruppen der Generationen 2 und 3, die theoretisch für die Schätzung dieser Kreuzungsparameter von Interesse sind.

Nach eingehender Untersuchung der Datenstruktur wurde jedoch festgestellt, dass sich nur die Daten des Kreuzungsexperiments II, die VALLE ZARATE (1996) analysierte, zusammen mit den verbleibenden Zuchtgruppen der Generationen 4 und 5 für eine statistische Analyse eigneten. Im einzelnen wurde aus folgenden Gründen auf bestimmte Datensätze bei der statistischen Analyse verzichtet:

- Biologisch nicht plausible Einzeldaten beruhend auf Mess- oder Datenübertragungsfehlern wurden nicht mitberücksichtigt.
- Einzelne Nachzügler, die verstreut außerhalb der definierten Jahr-Saison-Klassen auftauchten, wurden von der Analyse ausgeschlossen.
- Da im Kreuzungsexperiment II bei einigen Tieren der 1. Wurf nicht erfasst worden war, wurden diese bei der Analyse der Gesamtproduktivitätsmerkmale nicht berücksichtigt.
- Bei der Analyse der Reproduktionsfrequenzen (Erstlingswurfintervall, Zwischenwurfzeit) wurden nur Tiere mit einem Intervall von maximal 105 Tagen berücksichtigt.
- Zur Berechnung der „Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr“ wurden aufgrund der Verteilung des Merkmals nur Tiere mit mindestens zwei erfassten Würfen miteinbezogen.
- Für sämtliche Wurfgrößen- und Wurfgewichtsmerkmale wurden nur Leistungen größer null berücksichtigt.
- Einige Tiere konnten sich durch Entweichen der Nüchterung vor den Schlachtleistungsuntersuchungen entziehen. Diese wurden bei der Berechnung des Ausschlagungsanteils nicht mitberücksichtigt.

Die Anzahl der Tiere aus den einzelnen Zuchtgruppen, die von den genannten Ausschlusskriterien betroffen waren, wird im Ergebnisteil bei den jeweiligen Merkmalen dargestellt.

Aus der Verpaarung von 391 Böcken mit 1688 Weibchen wurden 2857 erste und zweite Würfe

geboren, aus denen ca. 8000 geborene bzw. 7745 lebend geborene Jungtiere hervorgingen.

Eine Übersicht über den jeweiligen Datenumfang pro Merkmal und Zuchtgruppe ist in den Tabellen 3.19 bis 3.22 dargestellt.

**Tab. 3.19: Übersicht über die untersuchten Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Wachstums- und Gewichtsleistung. Table 3.19: Number of observations per trait and breeding group: Growth and body weight traits**

Merkmal	Wurf-nr.	BB	RKB'	RKB	Rot2B	Rot3B	PB	F2	SYN	BP	Rot3P	Rot2P	RKP	RKP'	PP	Gesamt
Geburtsgewicht	1	648	89	104	293	289	139	201	575	163	269	299	100	119	657	3945
	2	633	132	150	266	211	175	266	496	170	186	247	140	148	536	3756
14-Tage-Gewicht (Absetzgewicht)	1	616	88	102	276	257	129	193	535	156	241	284	97	110	525	3609
	2	588	119	143	249	194	155	247	444	152	165	222	131	134	486	3429
56-Tage-Gewicht (Mastmitte)	1	608	82	96	263	252	128	185	511	153	239	273	95	100	485	3470
	2	556	117	137	241	188	144	232	424	143	160	212	126	128	410	3218
84-Tage-Gewicht (Mastendgewicht)	1	597	79	92	254	249	123	172	506	149	235	267	94	96	476	3389
	2	554	116	136	232	188	141	228	410	133	159	204	123	128	399	3151
Zunahme 1.-14. Tag	1	616	88	102	276	257	129	193	535	156	241	284	97	110	525	3609
	2	588	119	143	249	194	155	247	444	152	165	222	131	134	486	3429
Zunahme 14.-56. Tag	1	608	81	96	263	252	128	185	511	153	239	272	95	100	484	3467
	2	556	115	136	241	188	143	232	424	143	160	212	125	128	407	3210
Zunahme 56. -84. Tag	1	597	79	92	254	249	123	172	502	148	235	265	94	95	475	3380
	2	550	116	135	232	188	141	228	409	133	159	203	123	128	397	3142
Zunahme 14. - 84. Tag	1	597	78	92	254	249	123	172	506	149	235	266	94	96	475	3386
	2	554	114	135	232	188	140	228	410	133	159	204	122	128	396	3143
Zunahme 1. -84. Tag	1	597	79	92	254	249	123	172	506	149	235	266	94	96	476	3388
	2	554	116	136	232	188	141	228	410	133	159	204	123	128	399	3151

**Tab. 3.20: Übersicht über die Anzahl untersuchter Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Reproduktionsmerkmale. Table 3.20: Number of observations per trait and breeding group: Reproduction traits**

Merkmal	Wurf-nr.	BB x BB	F1 x BB	BB x F1	BB x Rot1P	BB x Rot2P	PP x BB	F1 x F1	SYN x SYN	BB x PP	PP x Rot2B	PP x Rot1B	PP x F1	F1 x PP	PP x PP	Gesamt
Wurfgröße gesamt bei der Geburt	1	222	41	47	107	93	63	85	201	79	92	110	43	48	242	1473
	2	215	45	47	96	90	61	85	190	61	88	99	46	47	201	1371
Wurfgröße lebend bei der Geburt	1	221	41	47	107	91	62	85	197	79	91	110	43	48	237	1459
	2	213	45	47	96	90	61	85	184	61	85	99	46	47	198	1357
Wurfgröße beim Absetzen	1	219	41	47	106	88	58	84	194	76	86	108	43	46	211	1407
	2	209	43	47	94	86	58	82	179	58	81	95	46	46	191	1315
Wurfgröße am Mastende	1	217	41	44	102	86	58	82	189	75	86	103	43	46	197	1371
	2	205	43	47	90	81	56	81	169	57	81	88	46	45	160	1253
Wurfgewicht bei der Geburt	1	221	41	47	107	91	62	85	197	79	91	110	43	48	237	1459
	2	213	45	47	96	100	61	85	184	61	85	99	46	47	198	1357
Wurfgewicht beim Absetzen	1	219	41	47	106	88	58	84	194	76	86	108	43	46	205	1401
	2	209	42	46	94	86	59	82	179	58	81	95	46	46	190	1313
Wurfgewicht am Mastende	1	217	41	44	98	88	55	82	188	75	86	99	43	46	196	1358
	2	196	43	47	90	85	56	81	169	56	81	88	46	45	160	1243
Erstlingwurfintervall		214	40	44	90	103	59	82	194	70	92	110	42	48	233	1421
Zwischenwurfzeit		206	44	46	92	86	60	80	189	58	86	93	42	43	190	1315
Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr		209	40	45	94	87	58	79	186	63	85	97	42	44	199	1328

**Tab.3.21: Übersicht über die Anzahl untersuchter Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Gesamtproduktivitätsmerkmale bezogen auf Muttertier und Halbjahr (182 Tage) bzw. auf metabolisches Muttergewicht ( $\text{kg}^{0.75}$ ) und Halbjahr. Table 3.21: Number of observations per trait and breeding group: Productivity traits**

Merkmal	BB x BB	F1 x BB	BB x F1	BB x Rot1P	BB x Rot2P	PP x BB	F1 x F1	SYN x SYN	BB x PP	PP x Rot2B	PP x Rot1B	PP x F1	F1 x PP	PP x PP	Gesamt
Anzahl geborener Jungtiere	221	42	47	109	96	63	84	203	79	92	110	43	48	242	1479
Anzahl lebend geborener Jungtiere	221	42	47	109	96	63	84	203	79	92	110	43	48	238	1475
Anzahl abgesetzter Juntiere	221	42	47	109	95	57	83	202	77	88	109	43	48	226	1447
Anzahl ausgemästeter Nachkommen	215	42	46	103	95	55	83	192	76	88	103	43	48	190	1379
Gesamtgewicht (lebend) geborener Jungtiere	221	42	47	109	96	63	84	203	79	92	110	43	48	238	1475
Gesamtgewicht abgesetzter Jungtiere	221	41	46	109	95	57	83	202	77	88	109	43	48	219	1438
Gesamtgewicht ausgemästeter Nachkommen	206	42	46	99	95	54	83	191	75	88	99	43	48	189	1358

**Tab.3.22: Übersicht über die untersuchten Tiere pro Merkmal und Zuchtgruppe: Schlachtleistung. Table 3.22: Number of observations per trait and breeding group: Carcass traits**

Merkmal	Wurf-nr.	BB	Rot2B	Rot3B	PB	F2	SYN	BP	Rot3P	Rot2P	PP	Gesamt
Ausschlachtungsanteil	1	20	20	24	14	20	56	16	24	11	16	218
	2	28	23	25	15	23	41	16	25	13	24	219
Schlachtkörpergewicht kalt (mit Haut)	1	18	21	15	14	21	60	16	28	12	15	222
	2	30	23	25	16	23	46	16	19	17	25	232
Schlachtkörperlänge bezogen auf das Schlachtkörpergewicht	1	18	14	24	14	21	60	16	28	12	15	222
	2	30	16	25	15	23	46	16	19	17	15	222
Anteil Rückenfett an Schlacht- körpergewicht (kalt)	1	18	14	24	14	21	60	16	28	12	15	222
	2	30	15	25	15	23	46	16	19	17	23	229



### 3.6.2 Jahreszeitliche Einflüsse und Datenstruktur

Wie bereits unter Punkt 3.3 hervorging, wurden die verschiedenen Zuchtgruppen in unterschiedlichen Jahren und Jahreszeiten angepaart. Die klimatischen Bedingungen variieren markant innerhalb eines Jahres (siehe Tab. 3.1) aber auch zwischen den Jahren und wirken sich direkt und indirekt über die Fütterung auf die Tiere aus. Mit den Jahr-Saison-Effekten werden vor allem Einflüsse mitberücksichtigt, die sich sehr stark auf die Kondition der Tiere auswirken können, wie z.B.

- direkte Temperatureinwirkungen
- Futterqualität und -quantität
- Trinkwasserangebot
- Besatzdichte
- Krankheitsdruck.

Eine Genotyp x Umwelt-Interaktion ist hier anzunehmen, jedoch kann diese aufgrund der vorliegenden Datenstruktur mit nicht besetzten Zellen in Form von Jahr-Saison x Zuchtgruppen-Interaktion nicht berücksichtigt werden (siehe Anhang, Tab. A1). Da auch die Wurfrangnummer, ähnlich wie der Jahr-Saison-Effekt, bestimmte Umwelteinflüsse repräsentiert, kann zumindest diese spezielle Form der Genotyp x Umwelt Interaktion (signifikante Interaktion Zuchtgruppe x Wurfnummer) durch eine nach Wurf getrennte Analyse bei den Einzelmerkmalen berücksichtigt werden.

Die Jahr-Saison-Einteilungen richten sich nach der Art des Merkmals. Während z.B. für die Reproduktionsfrequenzen der Zeitpunkt der Anpaarung von Bedeutung ist, so sind es für Wurfgrößenmerkmale eher der Zeitpunkt der Konzeption und für die Gewichts- und Wachstumsleistung das Geburtsdatum. Die Struktur der Gesamtleistungsmerkmale entspricht denen der Wurfgrößen- und Wurfgewichtsmerkmale im 1. Wurf, die Struktur der Wurfzahl der des Erstlingswurfintervalls.

Die Datenstrukturen sind für je ein Merkmal aus dem entsprechenden Merkmalskomplex in den Tabellen A1 bis A6 im Anhang dargestellt.

### 3.6.3 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern

Nach KOMENDER & HOESCHELE (1989) ist das Tiermodell die beste Methode zur Schätzung von Kreuzungsparametern verglichen mit einem fixen Modell und drei gemischten Modellen (Vatermodell ohne Verwandtschaft, Vatermodell mit Verwandtschaft, Vater-Mutter-Modell ohne Verwandtschaft). Die Bedeutung des Tiermodells nimmt den Autoren zufolge zu, je unbalancierter der Versuch ist, und wenn es sich um Felddaten handelt. Nach SPILKE & GROENEVELD (1995) kann im allgemeinen keine Aussage über die Richtung der Verzerrung von Standardfehlern bei einem fixen Modell verglichen mit einem gemischten Modell gemacht werden, da diese von der Struktur der Verwandtschaftsmatrix, dem Niveau der Heritabilität und der Designmatrix der Effekte abhängt. Bei einem balancierten Design kann auch das fixe Modell „vernünftige“ Schätzwerte liefern, jedoch können die jeweiligen Standardfehler unterschätzt sein, wie es u.a. die Ergebnisse von KOMENDER & HOESCHELE (1989) und EHRHARDT-DZIAMBOR (1992) zeigen.

Bei der vorliegenden Datenstruktur ist daher damit zu rechnen, dass die Nichtberücksichtigung von verwandtschaftlichen Beziehungen zu verzerrten Schätzwerten führt.

Da bei den Gewichts- und Wachstumsmerkmalen sämtliche Informationen über die Elterntiere

vorliegen sowie bei den meisten Zuchtgruppen auch die Verwandtschaftsbeziehungen bis zur 1. Generation, wurde bei diesen Merkmalen das Tiermodell angewandt.

Zu den Daten der Reproduktions- und somit auch der Gesamtleistungsmerkmale fehlte die Information zur Abstammung der Synthetischen Linie sowie der Rotationsmütter. Zur Analyse dieser Daten wurde ein fixes Modell verwendet.

### 3.6.3.1 Schätzung von Varianzkomponenten

Es liegen zwar Schätzwerte für die Varianzkomponenten und Heritabilitäten beim Meerschweinchen aus derselben Population vor (LIZECA, 1997), jedoch getrennt für beide Reinzuchtlinien und ohne Berücksichtigung der Verwandtschaftsstruktur (siehe Tab.2.18). Auch wurden nicht für sämtliche hier untersuchten Wachstumsmerkmale diese genetischen Parameter geschätzt, so dass eine eigene Schätzung der Varianzkomponenten für die spätere Analyse der Zuchtgruppenmittelwerte und der Kreuzungsparameter per Tiermodell erforderlich war und am gesamten Datenmaterial vorgenommen wurde.

Die Schätzung erfolgte univariat für die Merkmale der Gewichts- und Wachstumsleistung mit der REML-Methode auf der Grundlage analytischer Gradienten (1. Ableitungen) mit dem Programmpaket VCE, Version 4.1 unter Berücksichtigung des Inzuchtgrades der einzelnen Tiere (GROENEVELD, 1998) nach folgendem statistischen Modell:

$$y = X\beta + Za + Pc + e,$$

$$\text{mit } E \begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \quad V \begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\mathbf{s}_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\mathbf{s}_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\mathbf{s}_e^2 \end{bmatrix}$$

wobei

- y: Vektor des entsprechenden Merkmals
- β: Vektor der fixen Effekte bestehend aus:
  - Zuchtgruppe
  - Jahr-Saison
  - Wurfnummer
  - Wurfgröße gesamt
  - Geschlecht
  - Interaktion Zuchtgruppe x Wurfnummer
- a: Vektor der zufälligen Tiereffekte
- c: Vektor der zufälligen Wurfumwelteffekte
- e: Vektor der zufälligen Resteffekte
- X: Designmatrix der fixen Effekte
- Z: Designmatrix der zufälligen Tiereffekte
- P: Designmatrix der zufälligen Wurfumwelteffekte
- A: Verwandtschaftsmatrix
- I: Einheitsmatrix
- $\mathbf{s}_a^2$ : additiv genetische Varianz
- $\mathbf{s}_c^2$ : Varianz der Wurfumwelt
- $\mathbf{s}_e^2$ : Restvarianz

Ein Einfluss des Gewichts der Zuchttiere innerhalb der jeweiligen Zuchtgruppe oder des Alters bei der 1. Anpaarung auf die Wurfgröße oder das Wurfgewicht konnte bei Voranalysen an einem Teilmaterial nicht festgestellt werden, so dass diese Effekte nicht in Betracht kamen.

Das Meerschweinchen ist zwar einer der extremsten Nestflüchter unter den Säugetieren überhaupt (KUNKEL & KUNKEL, 1963, siehe auch Einleitung), nichtsdestoweniger ist die Wurfumwelt, die sowohl maternale Effekte als auch die spezifischen Umwelteffekte für die in einem Wurf geborenen Jungtiere umfasst, vor allem während der Aufzucht von großer Bedeutung. WRIGHT (1922a) drückt diesen Sachverhalt wie folgt aus: „There is naturally a strong tendency for the young in the same litter to share the same fate.“

Für die Erstellung der Verwandtschaftsmatrix liegen Pedigreeinformationen vor, die bei den Reinzuchttieren bis zur ersten Generation zurückverfolgt werden können. Diese entstammen zum einen den jeweiligen Basispopulationen (Reinzuchtlinien, Reinzuchtväter ab Kreuzungsexperiment III), zum andern dem Kreuzungsexperiment I (sämtliche Tiere des Kreuzungsexperiments II), die ihrerseits auf den bolivianischen Genpool bzw. auf die peruanischen Importtiere zurückzuführen sind (siehe Abb.3.3). In Tab. 3.23 sind die Pedigreeinformationen zu den verschiedenen Zuchtgruppen festgehalten, wobei die unterschiedliche Abstammung der Tiere aus dem Kreuzungsexperiment II und der anderen entsprechend gekennzeichnet ist.

**Tab.3.23: Pedigreeinformationen zu den verschiedenen Zuchtgruppen. Table 3.23: Pedigree information for the different breeding groups**

Generation	Zuchtgruppe	Anzahl Tiere <sup>1</sup>	Anzahl Väter	Anzahl Mütter
5	BB	684	26	123
	PP	630	33	128
	Rot3B	500	20	95
	Rot3P	455	20	95
	F5	504	21	97
4	BB	646	16 <sup>2</sup>	79
	PP	444	20	97
	BP	262	13	64
	PB	239	12	47
	Rot2B	559	22 <sup>2</sup>	109 <sup>3</sup>
	Rot2P	546	22 <sup>2</sup>	110 <sup>3</sup>
	F4	567	22 <sup>3</sup>	108 <sup>3</sup>
3	BB	-	20 <sup>2</sup>	58 <sup>2</sup>
	PP	-	20	63
	Rot1B	-	n.b.	n.b.
	Rot1P	-	n.b.	n.b.
	F3	-	n.b.	n.b.
2a (aus Basis-population)	BB	-	20 <sup>4</sup>	58 <sup>4</sup>
	PP	-	20 <sup>4</sup>	51 <sup>5</sup>
2b (aus Kreuzungs-experiment I)	BB	147	8	25 <sup>2</sup>
	PP	119	8	26
	BP	71	7	15 <sup>2</sup>
	PB	75	6	18
	F2	467	33	90
	RKB	254	16	49
	RKB'	221	16	47 <sup>2</sup>
	RKP	240	17	46
	RKP'	267	17	51
1a (Basis-population)	BB	-	26	50
	PP	-	20	40
1b (Kreuzungs-experiment I)	BB	-	32	105
	PP	-	32	108

n.b.: nicht bekannt

<sup>1)</sup> Tiere mit berücksichtigten Leistungsdaten; <sup>2)</sup> Abstammung von 1 Tier nicht bekannt; <sup>3)</sup> nur Abstammung des Vaters von ca. der Hälfte der Tiere bekannt; <sup>4)</sup> Abstammung von 10 Tieren nicht bekannt; <sup>5)</sup> Abstammung von 16 Tieren nicht bekannt

### 3.6.3.2 Schätzung fixer Effekte und Teststatistik

Die Schätzung der Zuchtgruppenmittelwerte als fixer Effekt sowie die der Kreuzungsparameter in Form von Regressionskoeffizienten wurde für die Gewichts- und Wachstumsmerkmale mit dem Programmpaket PEST, Version 3.1 von GROENEVELD et al. (1990) durchgeführt. Die Schätzung der Kreuzungsparameter erfolgte durch multiple Regression, wobei die Zuchtgruppen gemäß ihrer genetischen Zusammensetzung nach dem jeweiligen genetischen Modell (siehe Punkt 3.5) in Kreuzungsparameter zerlegt wurden.

Es wurden beide Würfe getrennt analysiert (siehe Punkt 3.6.2) mit folgendem Modell, das die

fixen Effekten Zuchtgruppe (bzw. Kreuzungseffekte als Kovariablen), Jahr-Saison und Geschlecht enthält.

$$y = X\beta + Za + e,$$

wobei

$$\hat{\mathbf{b}} = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$$

mit

$$E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\beta, \quad V(\mathbf{y}) = \mathbf{Z}\mathbf{A}\mathbf{Z}'\mathbf{s}_a^2 + \mathbf{I}\mathbf{s}_e^2$$

und

$$E(\hat{\mathbf{b}}) = E(\beta), \quad V(\hat{\mathbf{b}}) = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}$$

Der Schätzung der Kreuzungsparameter liegen die genetischen Modelle von DICKERSON (1969, 1973) sowie das von JAKUBEC (1993a) reparametrisierte Cockerham-Modell zugrunde (siehe Punkt 3.5), das hier als Jakubec-Modell bezeichnet wird.

Dickerson-Modell:

$$(1) \quad y_{ijk} = \mu + g_{iD}X_1 + h_{iD}X_2 + r_{iD}X_3 + g_{mD}X_4 + h_{mD}X_5 + JS_i + SEX_j + Za + e_{ijk}$$

Jakubec-Modell:

$$(2) \quad y_{ijk} = \mu + g_{iJAaa}X_1 + d_{iJAaa}X_2 + aa_{iJAaa}X_3 + g_{mJAaa}X_4 + d_{mJAaa}X_5 + JS_i + SEX_j + Za + e_{ijk}$$

$$(3) \quad y_{ijk} = \mu + g_{iJAdd}X_1 + d_{iJAdd}X_2 + dd_{iJAdd}X_3 + g_{mJAdd}X_4 + d_{mJAdd}X_5 + JS_i + SEX_j + Za + e_{ijk}$$

wobei

$y_{ijk}$ :	Beobachtung am Tier $k$ des Geschlechtes (SEX) $j$ in der Jahr-Saison (JS) $i$
$X_1$ bis $X_5$ :	Koeffizienten der erwarteten Kreuzungseffekte in der jeweiligen Zuchtgruppe
$g$ :	Additiv genetische Effekte
$h$ :	Heterosiseffekte
$r$ :	Rekombinationseffekte
$d$ :	Dominanzeffekte
$aa$ :	Additiv x Additiv-Interaktionen
$dd$ :	Dominanz x Dominanz-Interaktionen

### Fußzeichen

i: individuell

m: maternal

D: Dickerson-Modell

JAaa: Jakubec-Modell, das Additiv x Additiv-Interaktionen berücksichtigt

JAdd: Jakubec-Modell, das Dominanz x Dominanz-Interaktionen berücksichtigt

Ein Vergleich der Zuchtgruppenmittelwerte erfolgte mit einem eigenen Programm an Hand des Scheffé-Tests, der sich nach BORTZ (1993) „gegenüber Verletzungen von Voraussetzungen als relativ robust erwiesen hat und der zudem tendenziell eher konservativ (d.h. zugunsten der  $H_0$  entscheidet.“ Dieser Test erwies sich als konservativer als der von ESSL (1987) beschriebene Bonferroni-Holm-Test für multiple Mittelwertsvergleiche und wurde daher bevorzugt.

Die geschätzten Kreuzungsparameter wurden ebenfalls mit einem eigenen Programm an Hand eines F-Tests auf Signifikanz geprüft.

Die Zuchtgruppenmittelwerte und Kreuzungsparameter der Reproduktions- und Gesamtleistungsmerkmalen wurden aufgrund fehlender Abstammungsinformationen mit einem fixen Modell

$$y = X\beta + e,$$

mit

$$E(y) = X\beta \text{ und } V(y) = I\sigma_e^2$$

geschätzt.

Die Wurfgrößen- und Wurfgewichtsmerkmale wurden nach Wurf getrennt analysiert mit den fixen Effekten

- Zuchtgruppe und
- Jahr-Saison.

Das statistische Modell für die Wurfgrößen-/Wurfgewichtsmerkmale, Reproduktionsfrequenzen, Muttergewichte und Gesamtleistungsmerkmale lässt sich auch wie folgt beschreiben:

$$y_{ijk} = \mu + ZG_i + JS_j + e_{ijk},$$

wobei

$y_{ijk}$ : Leistung des Tieres  $k$  der Zuchtgruppe (ZG)  $i$  in der Jahr-Saison (JS)  $j$   
 $e_{ijk}$ : Zufälliger Restfehler

Zur Schätzung der Kreuzungsparameter wurden folgende Modelle verwendet:

- (1)  $y_{ij} = \mu + g_{nkD}X_1 + h_{nkD}X_2 + r_{nkD}X_3 + g_{iD}X_4 + h_{iD}X_5 + JS_i + e_{ij}$
- (2)  $y_{ij} = \mu + g_{nkJAaa}X_1 + d_{nkJAaa}X_2 + aa_{nkJAaa}X_3 + g_{iJAaa}X_4 + d_{iJAaa}X_5 + JS_i + e_{ij}$
- (3)  $y_{ij} = \mu + g_{nkJAdd}X_1 + d_{nkJAdd}X_2 + dd_{nkJAdd}X_3 + g_{iJAdd}X_4 + d_{iJAdd}X_5 + JS_i + e_{ij}$

*Fußzeichen*

nk: Nachkommen

Bei der Schätzung der Zuchtgruppenmittelwerte bzw. Kreuzungsparameter für das Muttergewicht wird davon ausgegangen, dass die Zuchtgruppe des Paarungspartners nicht in Verbindung mit dem genetisch bedingten Gewicht der Muttertiere steht. Die Anzahl der Zuchtgruppen reduziert sich daher bei diesem Merkmal auf 9. An Kreuzungseffekten werden die Parameter  $g_i$ ,  $h_i$ ,  $d_i$ ,  $r_i$ ,  $aa_i$ ,  $dd_i$ ,  $g_m$ ,  $h_m$  und  $d_m$  entsprechend oben stehenden Modellen geschätzt.

Die Schlachtleistungsmerkmale wurden ebenfalls anhand eines fixen Modells analysiert. Die Information über die Abstammung der untersuchten Tiere ist zwar bekannt, jedoch nicht die Varianzkomponenten der untersuchten Merkmale. Diese auf der Basis der untersuchten Reinzucht-tiere (Stichprobenumfang <100) zu schätzen erschien unzweckmäßig. Ebenso wurde aufgrund des recht geringen Stichprobenumfangs auf eine nach Wurf getrennte Analyse verzichtet.

Die statistischen Modelle lassen sich wie folgt beschreiben:

*a) Schätzung der Zuchtgruppenmittelwerte:*

$$y_{ijklm} = \mu + ZG_i + JS_j + WNR_k + WGR_l + e_{ijklm},$$

wobei

$y_{ijklm}$ : Leistung des Tieres  $l$  der Zuchtgruppe (ZG)  $i$  in der Jahr-Saison (JS)  $j$  und aus einem Wurf mit der Wurfnummer (WNR)  $k$  und der Wurfgröße (WGR)  $l$

$e_{ijklm}$ : Zufälliger Restfehler

*b) Schätzung der Kreuzungsparameter*

$$(1) y_{ijkl} = \mu + g_{iD} X_1 + h_{iD} X_2 + r_{iD} X_3 + g_{mD} X_4 + h_{mD} X_5 + JS_i + WNR_j + WGR_k + e_{ijkl}$$

$$(2) y_{ijkl} = \mu + g_{iJAaa} X_1 + d_{iJAaa} X_2 + aa_{iJAaa} X_3 + g_{mJAaa} X_4 + d_{mJAaa} X_5 + JS_i + WNR_j + WGR_k + e_{ijkl}$$

$$(3) y_{ijkl} = \mu + g_{iJAdd} X_1 + d_{iJAdd} X_2 + dd_{iJAdd} X_3 + g_{mJAdd} X_4 + d_{mJAdd} X_5 + JS_i + WNR_j + WGR_k + e_{ijkl}$$

Die Auswertung der fixen Modelle erfolgte mit dem SAS-Programm-Paket Version 6.10 für Windows, mit der GLM-Prozedur, Typ 4.

Bei sämtlichen dichotomen Merkmalen wie Wurfrate, Überlebensrate und Östrusexpression wurde anhand eines CHI<sup>2</sup>-Test die Bedeutung von Zuchtgruppen- und Jahr-Saison-Effekten untersucht.

## 4 Ergebnisse

### 4.1 Gewichts- und Wachstumsleistung

#### 4.1.1 Verteilungsprofile

Als erster Gesamtüberblick über die Gewichts- und Wachstumsleistung beim Meerschweinchen dienen die Verteilungsprofile, die für das Gesamtmaterial nach Wurf getrennt in der Abbildung 4.1 dargestellt sind. Außer über die durch genetische und nicht genetische Einflüsse bedingte Variation geben sie auch Aufschluss über das Leistungspotential der Population.

Die Mittelwerte der einzelnen Merkmale stimmen in beiden Würfen in etwa überein. Mit einem unterschiedlichen Beitrag der einzelnen Zuchtgruppen, der sich insgesamt wieder ausgleicht, kann gerechnet werden. Beim Vergleich der Standardabweichungen in den beiden Würfen sind je nach Entwicklungsphase unterschiedliche Tendenzen festzustellen: Beim Geburtsgewicht sind sie etwa gleich, während der Aufzucht und beim Absetzen ist die Streuung im 2. Wurf höher. Bei der Gewichtsentwicklung bis zur Mastmitte und dem 56-Tage-Gewicht stimmen die Standardabweichungen beider Würfen wieder in etwa überein; bei der Gewichtsentwicklung während der Endmastphase sowie beim Mastendgewicht ist im 1. Wurf eine größere Streuung zu beobachten. Diese unterschiedlichen Streuungen zwischen den Würfen können im wesentlichen auf die unterschiedlichen Umweltbedingungen während der verschiedenen Entwicklungsphasen der Tiere zurückgeführt werden und sind ein Indiz für mögliche Genotyp x Umwelt-Interaktionen.

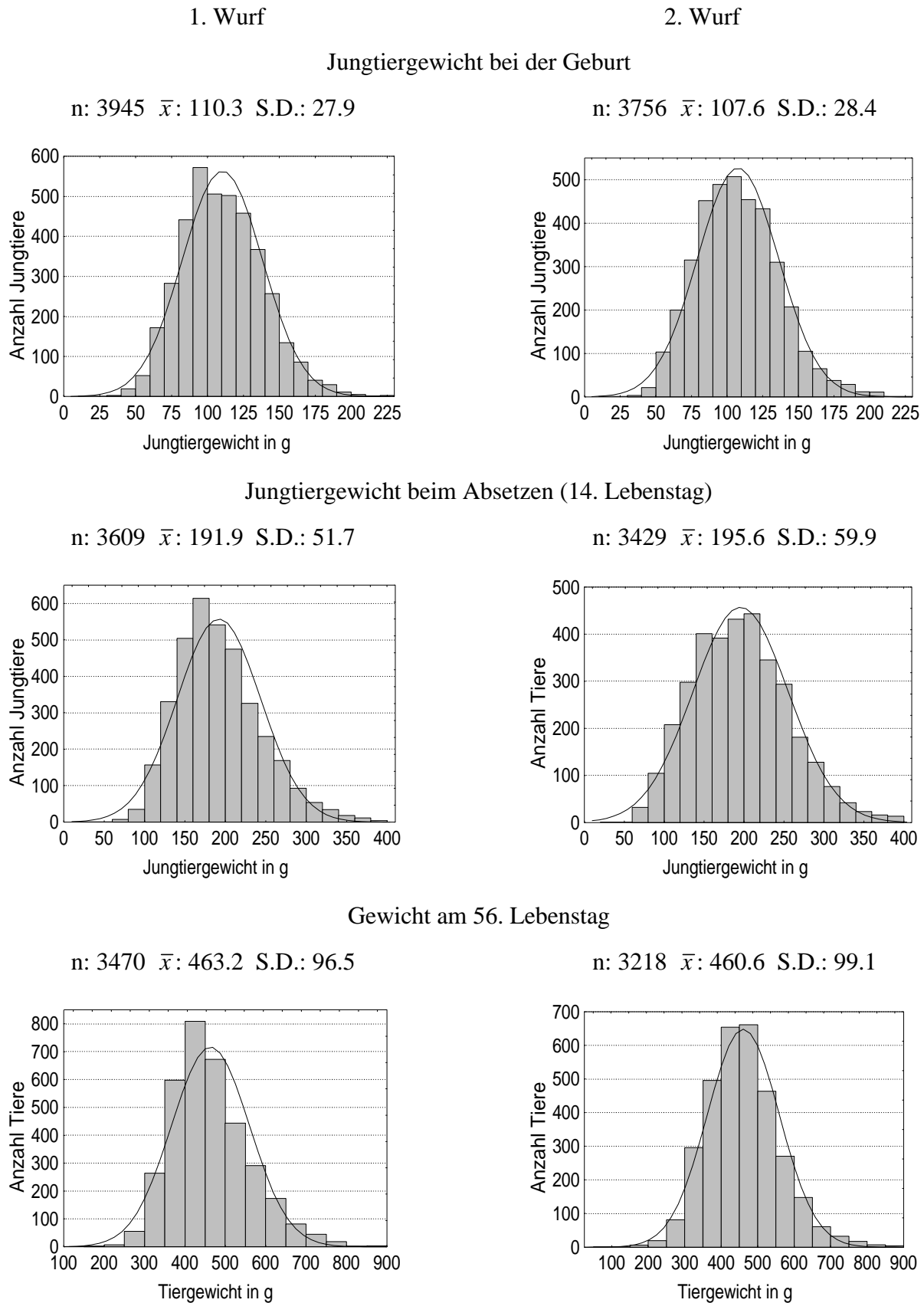
Das Geburtsgewicht (nur lebend geborene Tiere) reicht von weniger als 50 bis über 200 g (Mittelwert ca. 110 g), wobei die Einflussfaktoren Zuchtgruppe und Wurfgröße zu den bedeutendsten gehören. Das mittlere Absetzgewicht (195 g) ist ca. 75% höher als das Geburtsgewicht, während das Mindestgewicht in etwa dem unteren Ende des Geburtsgewichtes entspricht und das Maximum mit ca. 400 g ungefähr doppelt so hoch ist wie das bei der Geburt. Ungünstige Umweltbedingungen (Krankheit, Tod der Mutter, unzureichende Fütterung, u.a.) können zu Gewichtsverlusten während der Aufzucht führen. Ein dem Genotyp entsprechend hohes Geburtsgewicht ist daher von selektivem Vorteil für das spätere Überleben unter ungünstigen Bedingungen. Die durchschnittlichen Zunahmen in dieser Phase liegen bei zwischen 80 und 90 g (etwa 6 g pro Tag) mit einer Standardabweichung um 35 bis 40 g.

Die Gewichtszunahmen vom Absetzen bis zur Mastmitte, durchschnittlich 260 bis 270 g (SD: ca. 72 g), sind sämtliche positiv und weisen eine beträchtlichen Spannweite von ca. 500 g auf. Die mittleren täglichen Zunahmen in diesem Mastabschnitt liegen entsprechend bei 6.2 bzw. 6.4 g. Im Alter von 56 Tagen (Mastmitte) wiegen die Tiere im Durchschnitt ca. 460 g (SD: ca. 100 g).

Während der Endmast sind Gewichtszunahmen von durchschnittlich 110 bis 120 g zu beobachten, was eine tägliche Zunahme in diesem Abschnitt (56. bis 84. Lebenstag) von ca. 4 g pro Tag bedeutet. Auch negative Gewichtszunahmen sind festzustellen (ca. 2.5% der Tiere). Das Mastendgewicht beträgt im Durchschnitt ca. 580 g (SD: ca. 120-130 g), wobei ca. 0.5-0.6% der Population ein Gewicht von 1 kg und mehr erreichen.

Die Gewichtszunahmen von der Geburt bis zum Mastende bzw. während der Mastphase entsprechen der Summe der verschiedenen Einzelabschnitten. Sie liegen im Durchschnitt zwischen 460 und 470 g bzw. bei ca. 380 g, wobei die Standardabweichungen im 1. Wurf (112 g bzw. 120 g) um jeweils 20 g höher sind als im zweiten. Die mittleren täglichen Zunahmen liegen in beiden betrachteten Abschnitten um ca. 5.5 g.



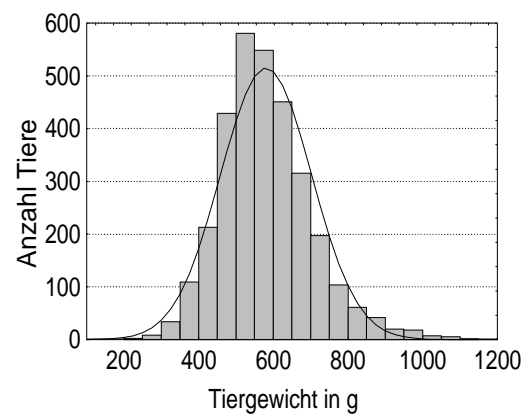
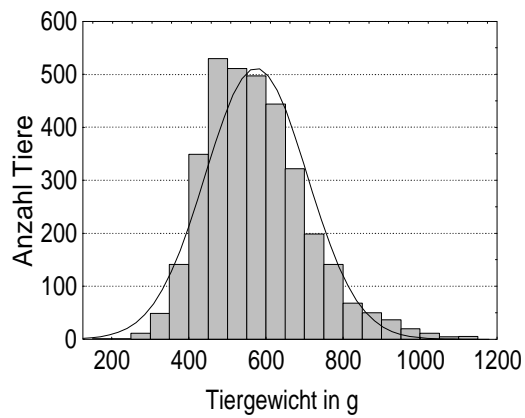


**Abb.4.1: Verteilungsprofile von Gewichts- und Wachstumsmerkmalen auf der Basis des Gesamtmaterials.** *Figure 4.1: Distribution profiles for body weight and growth traits*

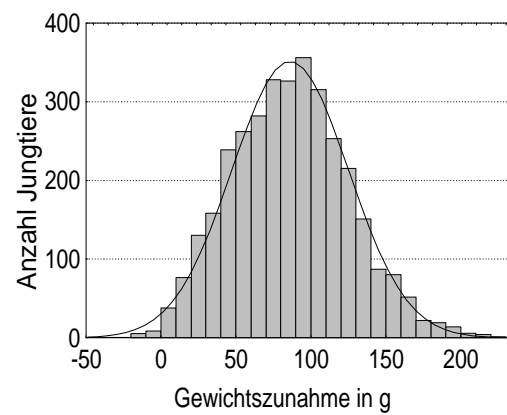
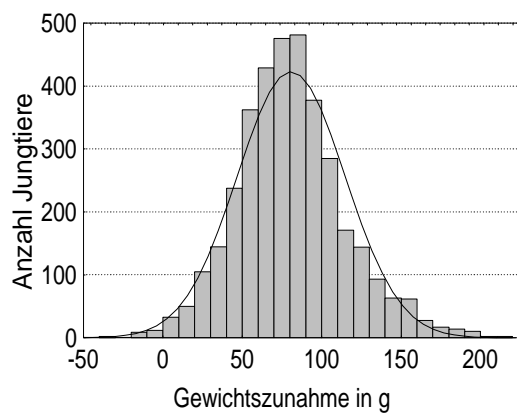
1. Wurf

2. Wurf

Gewicht am 84. Lebenstag (Mastende)

n: 3389  $\bar{x}$ : 574.7 S.D.: 132.1n: 3151  $\bar{x}$ : 580.3 S.D.: 122.0

Gewichtszunahme während der Aufzuchtphase (1. bis 14. Lebenstag)

n: 3609  $\bar{x}$ : 80.7 S.D.: 34.1n: 3429  $\bar{x}$ : 86.1 S.D.: 38.9

Gewichtszunahme während der Vormastphase (14. bis 56. Lebenstag)

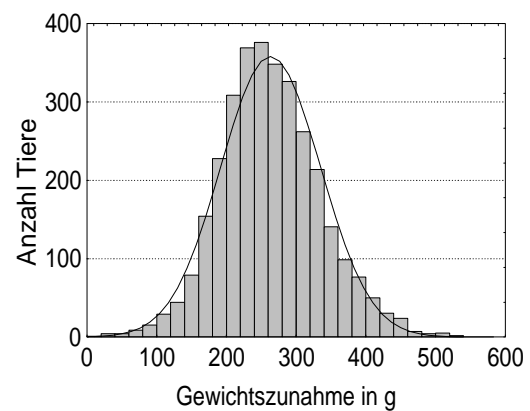
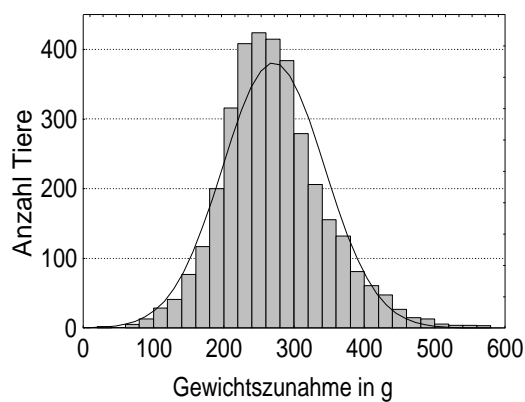
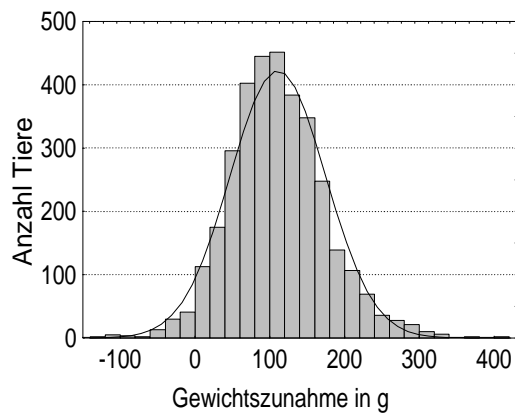
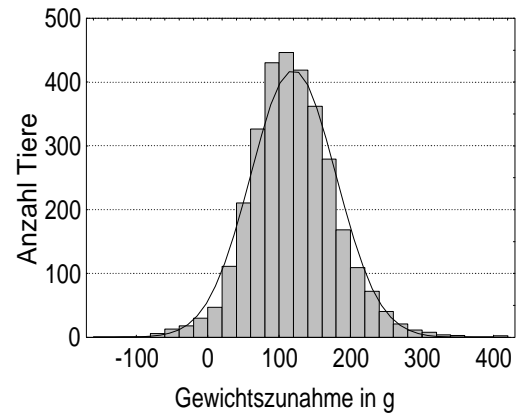
n: 3467  $\bar{x}$ : 270.8 S.D.: 72.6n: 3210  $\bar{x}$ : 263.4 S.D.: 71.5

Abb.4.1: Fortsetzung. Figure 4.1: continued

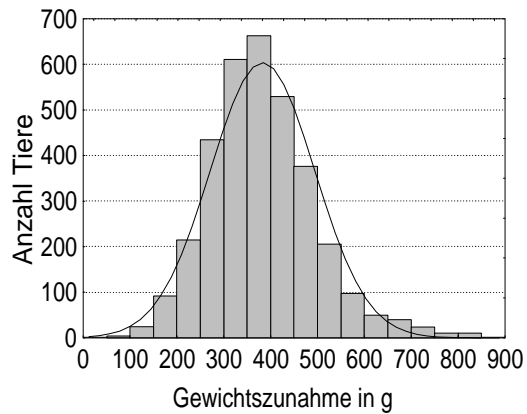
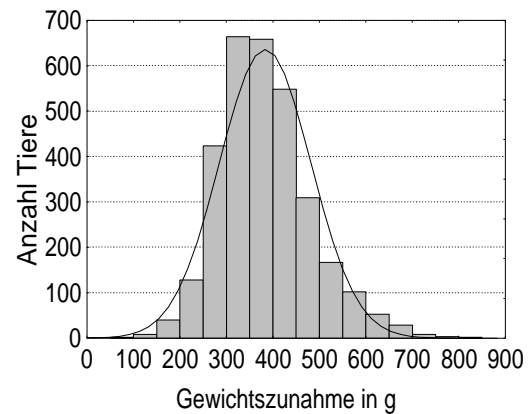
1. Wurf

2. Wurf

## Gewichtszunahme während der Endmastphase (56. bis 84. Lebenstag)

n: 3380  $\bar{x}$ : 110.7 S.D.: 63.7n: 3142  $\bar{x}$ : 119.8 S.D.: 59.9

## Gewichtszunahme während der Mastphase (14. bis 84. Lebenstag)

n: 3386  $\bar{x}$ : 382.4 S.D.: 111.9n: 3143  $\bar{x}$ : 383.4 S.D.: 98.6

## Gewichtszunahme von der Geburt bis zum Mastende (1. bis 84. Lebenstag)

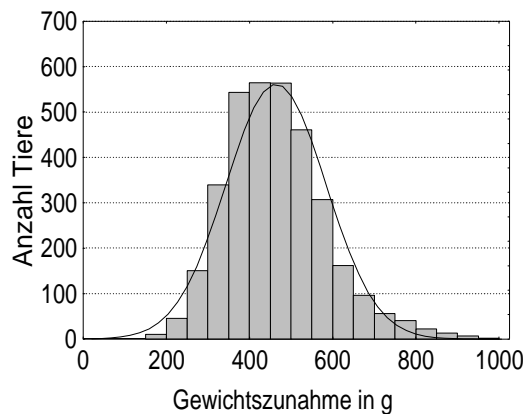
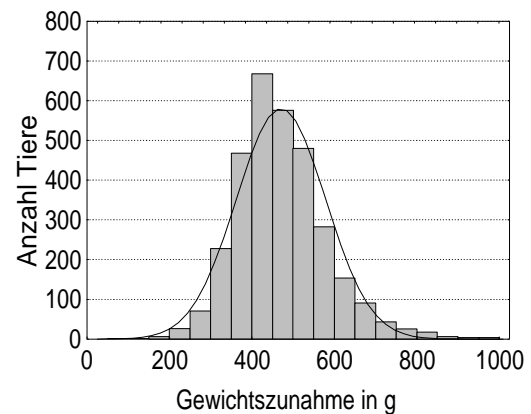
n: 3388  $\bar{x}$ : 463.6 S.D.: 120.4n: 3151  $\bar{x}$ : 470.5 S.D.: 108.4

Abb.4.1: Fortsetzung. Figure 4.1: continued

#### 4.1.2 Varianzkomponenten und Heritabilitätsschätzungen

In der Tab.4.1 sind die Schätzwerte für die Varianzkomponenten sowie deren Verhältnisse dargestellt, die als Einsetzwerte für die Schätzung der GLS-Zuchtgruppenmittelwerte und -Kreuzungsparameter dienen.

**Tab. 4.1: Varianzkomponentenschätzwerte und Varianzenverhältnisse für Gewichts- und Wachstumsmerkmale bei den Zuchtlinien (Gesamtdatenmaterial). Table 4.1: Variance components estimates and ratios for body weight and growth traits**

Merkmal	n	V <sub>a</sub>	V <sub>c</sub>	V <sub>e</sub>	V <sub>a</sub> /V <sub>t</sub> (S.E.)	V <sub>c</sub> /V <sub>t</sub> (S.E.)	V <sub>e</sub> /V <sub>t</sub> (S.E.)
Geburtsgewicht	7701	105.8	196.5	66.8	0.287 (.023)	0.532 (.012)	0.181 (.014)
14-Tage-Gewicht (Absetzen)	7038	432.6	926.4	212.8	0.275 (.024)	0.589 (.012)	0.135 (.014)
56-Tage-Gewicht (Mastmitte)	6688	1550.2	2050.1	2069.2	0.273 (.025)	0.362 (.013)	0.365 (.018)
84-Tage-Gewicht (Mastende)	6540	2585.2	2985.2	3737.5	0.278 (.027)	0.321 (.013)	0.402 (.020)
Zunahme Geburt – Absetzen	7038	174.6	568.4	166.6	0.192 (.022)	0.625 (.012)	0.183 (.013)
Zunahme Absetzen - Mastmitte	6677	602.2	1349.3	1863.9	0.158 (.021)	0.354 (.012)	0.489 (.017)
Zunahme Mastmitte - Mastende	6519	80.8	1112.1	1824.2	0.027 (.012)	0.369 (.011)	0.605 (.012)
Zunahme Geburt - Mastende	6539	1630.5	2764.0	3808.6	0.199 (.023)	0.337 (.013)	0.464 (.018)
Zunahme Absetzen - Mastende	6529	1303.8	2392.0	3617.1	0.178 (.023)	0.327 (.013)	0.495 (.018)

V<sub>a</sub>: Additive Varianz; V<sub>c</sub>: Wurfumwelt-Varianz; V<sub>e</sub>: Restvarianz; V<sub>t</sub>: Gesamtvarianz

Die Heritabilitätsschätzwerte ( $V_a/V_t$ ) liegen bei den Gewichtsmerkmalen von der Geburt bis zum Mastende ungefähr auf dem selben Niveau (0.27 bis 0.29), wobei der Schätzwert für das Geburtsgewicht mit 0.29 der höchste von sämtlichen Merkmalen überhaupt ist. Die REML-Schätzwerte von LIZECA (1997) an den beiden Reinzuchtlinien (Vatermodell ohne Berücksichtigung der Verwandtschaftsstruktur) sind für das Geburts- und Absetzgewicht (BB: 0.12 und 0.06; PP: 0.12 und 0.14) deutlich niedriger, für das 56-Tage-Gewicht (BB: 0.31; PP: 0.37) um etwas höher (siehe Tab.2.18).

Bei den Gewichtszunahmen in den einzelnen Entwicklungsabschnitten nehmen die Heritabilitätsschätzwerte mit zunehmendem Alter ab, von 0.19 während der Aufzucht, 0.16 zwischen Absetzen und Mastmitte auf 0.03 während der Endmast. Für die Gesamtzunahme sowie für die Zunahme während der Mastphase insgesamt sind die Schätzwerte mit 0.20 und 0.18 höher als für den höchsten Schätzwert in einer der darin zusammengefassten Einzelphasen.

Die Wurfumwelt ist bei der Geburt und bis zum Absetzen von überragender Bedeutung mit Anteilen an der Gesamtvarianz von 53 (Geburtsgewicht) bis 63% (Zunahme während der Aufzucht). Bei der Mastmitte und am Mastende liegt (incl. Zunahmen) liegt der Anteil zwischen 33 und

37% und ist damit in allen Merkmalen deutlich höher als der der additiven Varianz.

Der Anteil der Restvarianz ist bei den im wesentlichen von der Wurfumwelt geprägten Merkmalen (Geburt bis Absetzen) am niedrigsten (14 und 18%), steigt entsprechend der Abnahme der Additiv-Varianz – die Wurfumweltvarianz bleibt in etwa konstant – und erreicht bei den Zunahmen von der Mastmitte bis zum Mastende das höchste Niveau von ca. 60%.

Während in der Tierzucht allgemein mit einer Zunahme der Heritabilität von der Geburt bis zum Mastende zu erwarten ist, scheint bei der untersuchten Population das Gegenteil der Fall zu sein. Nicht kontrollierbare Umwelteinflüsse – LIZECA (1997) nennt in dieser Hinsicht die mit der Pubertät einhergehenden heftigen Rankämpfe, die jedoch in diesem Ausmaß nur bei männlichen Tieren auftreten – gewinnen Oberhand. Unzureichende Fütterung, Wassermangel und zu hohe Besatzdichten, d.h. Faktoren, bei denen der Bedarf mit zunehmender Körpergröße steigt, können dazugezählt werden.

#### **4.1.3 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung bis zum Ende der Aufzucht**

Im folgenden werden zunächst die Leistungen der verschiedenen Zuchtgruppen miteinander verglichen und anschließend die mit drei genetischen Modellen (Dickerson-Modell: gi, hi, ri, gm, hm; Jakubec-Modell: gi, di, aai, gm dm bzw. gi, di, ddi, gm, dm) geschätzten Kreuzungsparameter dargestellt (siehe Punkt 3.5). Abschließend erfolgt eine Untersuchung der Überlebensrate nach Zuchtgruppe und Jahr-Saison.

##### **4.1.3.1 GLS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen**

In der Tabelle 4.2 sind die verschiedenen GLS-Zuchtgruppenmittelwerte im Vergleich für das Geburts- und Absetzgewicht sowie für die Zunahme zwischen Geburt und Absetzen aufgeführt, die in der Abbildung 4.2 grafisch dargestellt sind.

Die GLS-Mittelwerte der Reinzuchtlinien für das Geburtsgewicht stellen praktisch die obere und untere Grenze, zwischen denen sich die Kreuzungsgruppenmittelwerte bewegen, dar. Sie variieren zwischen 85 g (bolivianische Reinzucht) und 120 g im 1. Wurf (peruanische Reinzucht) bzw. zwischen 87 g und 127 g im 2. Wurf, d.h. um 1.2 bzw. 1.3 Standardabweichungen.

Die Kreuzungsgruppen BP und RKP', denen gemeinsam ist, dass sie von peruanischen Reinzuchtmüttern stammen, unterscheiden sich im Geburtsgewicht nicht von denen der peruanischen Reinzucht (1. Wurf) bzw. liegen in der Rangfolge gleich an zweiter Stelle (2. Wurf). Ein solch deutlicher maternaler Einfluss ist bei den Nachkommen bolivianischer Mütter nicht zu erkennen. Nur im 2. Wurf entspricht das Geburtsgewicht der Gruppe PB dem der bolivianischen Reinzucht (87.0 g); im 1. Wurf (100.9 g) hingegen kommt der individuelle Genotyp stärker zum Ausdruck. Auch innerhalb Wurfnummer gibt es deutliche Unterschiede zwischen vom erwarteten Genniveau auf mütterlicher und individueller Ebene ähnlichen Kreuzungsgruppen (z.B. 1. Wurf: Rot2B: 100.6 g; Rot3B: 85.8 g), die sich genetisch nicht erklären lassen.

Auch beim Absetzgewicht stellen die beiden Reinzuchtlinien die obere und untere Grenze der Spannbreite der Zuchtgruppenmittelwerte dar. Sie liegen zwischen 147 und 190 g im 1. Wurf (0.8 SD) und zwischen 196 und 250 g (1.0 SD) im zweiten, wobei die Spannweite beim 2. Wurf um ca. 10 g höher ist. Das um ca. 50 bis 60 g höhere Gewicht im 2. Wurf (bei vergleichbarem Mittelwert) ergibt sich durch die unterschiedliche Einwirkung der weiteren Effekte im Modell, insbesondere des Jahr-Saisoneffektes, dessen Ausmaß 0.9 (2. Wurf) bis 1.3 Standardabweichungen (1. Wurf) beträgt. Wesentlich für den Vergleich der Mittelwerte ist der Unterschied zwischen den Zuchtgruppen und nicht der einzelne absolute Schätzwert.

Wie bereits bei der Geburt erreichen die Nachkommen peruanischer Mütter auch beim Absetzen die höchsten Gewichte. Im 1. Wurf ist eine Tendenz von mit zunehmendem peruanischen Genanteil steigenden Gewichten der Zuchtgruppen zu erkennen, wobei nur die Gruppen F2 und BP eine Ausnahme bilden. Die Schätzwerte der Rückkreuzungsgruppen sind mit einem relativ hohen Standardfehler behaftet, so dass sie sich fast nur von den Reinzuchtmittelwerten signifikant unterscheiden. Im 2. Wurf nähern sich die Leistungen der Kreuzungsgruppen mit wenigen Ausnahmen (F2, BP, RKP, RKP') eher der Ebene der bolivianischen Reinzuchtlinie, von der sich die Zuchtgruppen SYN und PB nicht signifikant unterscheiden. Es ist insgesamt keine klare Tendenz zu beobachten.

Bei den Zunahmen während der Aufzucht nimmt die bolivianische Reinzuchtlinie den untersten Wert der Spannweite der GLS-Zuchtgruppenmittelwerte (0.6 SD) mit 59.4 g im 1. Wurf zusammen mit den Zuchtgruppen RKB' (59.7 g) Rot2B (63.5 g) und Rot2P (64.2 g) ein. Im 2. Wurf (0.7 SD) ist dies die Rot3P (91.2 g) zusammen mit der bolivianischen Linie (92.5 g), die sich von den meisten Kreuzungsgruppen (RKB', Rot2B, Rot3B, PB, SYN, Rot3P, Rot2P) nicht signifikant unterscheiden.

Die höchsten Zunahmen weist im 1. Wurf nicht die peruanische Linie sondern die F2 (80.4 g) zusammen mit den Gruppen Rot3P (78.4 g) und Rot3B (73.4 g) auf. Die relativ niedrige Leistung der peruanischen Meerschweinchen (68.8 g) könnte in diesem Falle im Zusammenhang mit der in den Monaten April und Mai 1993 aufgetauchten Krankheit stehen, in welchen über 50% der untersuchten Tiere dieser Linie geboren wurde (siehe Punkt 3.6.1), wobei dieser sich depressiv auf das Wachstum auswirkende Effekt trotz Korrektur nicht ganz ausgeschaltet werden konnte. Die Untersuchung der Mortalitätsraten zwischen Geburt und Absetzen (siehe unten) verstärken diese Annahme.

Im 2. Wurf entspricht die Rangfolge auf dem oberen Niveau der des Geburts- und Absetzgewichts, mit den höchsten Zunahmen bei der Peruanischen Linie (118.6 g), die sich nicht signifikant von den Zuchtgruppen RKP' (116.1 g), BP (114.9 g) und RKP (110.7 g) unterscheiden. Es ist weder im 1. noch im 2. Wurf eine konsistente Tendenz der Zunahmen nach dem individuellen oder dem mütterlichen Genanteil zu erkennen.

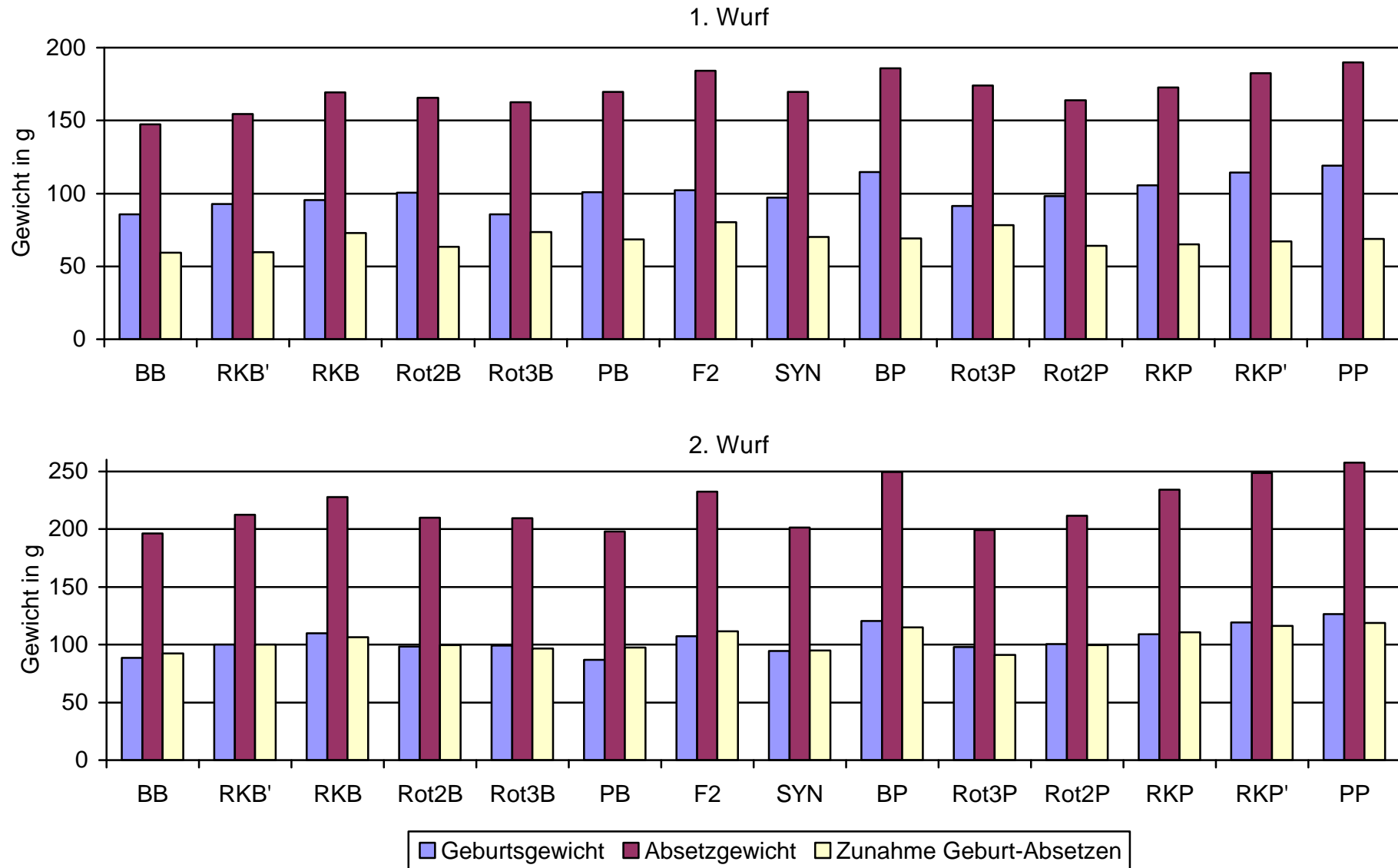
Die durch Linienunterschiede nicht zu erklärende Variation zwischen den Zuchtgruppen kann mehrere Ursachen haben: Zum einen ist es sehr wahrscheinlich, dass unter den Versuchsbedingungen, die eher einem Feldversuch entsprechen, nicht kontrollierbare Umwelteffekte zur Wirkung gekommen sind, die in einer solchen Variation zum Ausdruck kommen. Zum anderen ist es möglich, dass nicht-additive Genwirkungen von Bedeutung sind (siehe unten).

**Tab. 4.2: GLS-Zuchtgruppenmittelwerte (GLSM) und Standardfehler für Merkmale der Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen. Table 4.2 GLS breeding group means and standard errors for body weight development from birth to weaning**

Zucht- gruppe	Geburtsgewicht		Absetzgewicht		Zunahme Geburt - Absetzen	
	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf
	GLSM S.E.	GLSM S.E.	GLSM S.E.	GLSM S.E.	GLSM S.E.	GLSM S.E.
BB	85.8 1.9 a	88.4 2.6 a	147.5 4.3 a	196.1 3.8 a	59.4 3.0 a	92.5 2.5 a
RKB'	92.9 2.6 bcd	100.1 3.0 bcd	154.5 5.6 ab	212.5 4.9 bc	59.7 3.9 ab	100.0 3.4 abcd
RKB	95.3 2.5 cde	109.6 3.0 e	169.3 5.4 bcdef	227.6 5.1 cd	72.8 3.8 bcde	106.3 3.2 bcde
Rot2B	100.6 2.3 ef	98.4 2.1 bc	165.7 3.9 bcd	209.7 5.2 b	63.5 2.8 ab	99.7 3.1 abc
Rot3B	85.8 1.7 ab	99.2 2.1 bc	162.7 3.7 bc	209.5 5.2 b	73.4 2.6 cde	96.7 3.0 ab
PB	100.9 2.2 ef	87.0 2.6 a	169.8 4.7 def	197.8 4.3 ab	68.5 3.3 abcd	97.4 2.9 ab
F2	102.1 2.3 ef	107.2 2.8 de	184.1 5.0 ghi	232.2 4.5 d	80.4 3.5 e	111.6 3.1 def
SYN	97.2 2.5 de	94.5 2.1 b	169.7 4.6 cde	201.5 4.7 ab	70.0 3.1 bc	95.0 3.5 a
BP	114.8 2.1 g	120.3 2.5 f	185.7 4.4 hi	249.3 4.6 ef	69.2 3.1 bcd	114.9 2.9 ef
Rot3P	91.3 2.2 c	97.7 2.4 bc	173.9 3.5 defg	199.0 5.2 ab	78.4 2.4 de	91.2 3.6 a
Rot2P	98.0 2.5 e	100.2 2.1 c	163.9 4.2 bcd	211.7 4.2 b	64.2 3.0 ab	99.7 3.5 abc
RKP	105.7 2.7 f	109.0 3.0 e	172.6 5.6 defgh	234.1 4.2 de	65.2 3.9 abc	110.7 3.5 cdef
RKP'	114.4 2.6 g	119.1 3.0 f	182.3 5.4 fghi	248.7 4.8 e	67.1 3.8 abcd	116.1 3.4 ef
PP	119.2 2.4 g	126.3 2.4 g	189.9 3.7 i	257.7 5.2 f	68.8 2.6 bc	118.6 3.2 f

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab.3.3, Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal siehe Tab. 3.19



**Abb. 4.2: Jungtierentwicklung während der Aufzucht im Vergleich der Zuchtgruppen (GLS-Mittelwerte).** *Figure 4.2: Breeding group comparison for body weight development from birth to weaning (GLS means)*



#### **4.1.3.2 GLS-Kreuzungsparameterschätzung für die Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen**

Ein erster Überblick über die geschätzten Kreuzungsparameter, die in der Tabelle 4.3 und in der Abbildung 4.3 dargestellt sind, zeigt die vorherrschende Wirkung von Liniendifferenzen auf individueller und maternaler Ebene. Die individuellen (gi) und maternalen additiven Effekte (gm) sind in allen Merkmalen und genetischen Modellen, mit Ausnahme der Zunahme von der Geburt bis zum Absetzen im 1. Wurf, hoch signifikant, wobei im 1. Wurf die individuellen und im 2. Wurf die maternalen Effekte dominieren. Den Bezug ( $\mu$ ) stellt der GLS-Zuchtgruppenmittelwert für die bolivianische Reinzuchtlinie dar (siehe Punkt 3.5).

Beim Geburtsgewicht entsprechen die individuellen additiven Effekte im 1. Wurf (ca. 18 g) 21% des Gewichts der bolivianischen Reinzuchtlinie, die maternal additiven (14 g) liegen bei 16%. Im 2. Wurf erreichen die maternal additiven Effekte (24 g) 27%, die individuellen (9 g) ca. 10%. Individuelle Dominanzeffekte sind im 1. Wurf nur im Jakubec-Modell mit Dominanz x Dominanz-Interaktionen als epistatischem Effekt mit 16 g bzw. 18% signifikant. Der entsprechende Effekt ist im 2. Wurf nur beim Dickerson-Modell signifikant, allerdings mit negativem Vorzeichen (-3.3 g bzw. -3.7%). Nur im 1. Wurf erreichen Dominanzeffekte auf maternaler Ebene Signifikanz und zwar nach allen drei Modellen. Die Schätzwerte sind negativ mit einem Ausmaß von -4 bis -6%. Die geschätzten epistatischen Effekte erreichen im 1. Wurf nur in Form von Dominanz x Dominanz-Interaktionen ein Signifikanzniveau von weniger als 5%; Rekombinationsverluste und Additiv-Additiv-Interaktionen liegen an der Signifikanzschwelle ( $p=0.052$ ). Im 2. Wurf sind nur die Rekombinationsverluste und Additiv x Additiv-Interaktionen deutlich von null verschieden. Sämtliche Schätzwerte für diese epistatischen Effekte sind negativ mit einem Ausmaß von ca. 20% bei den Dominanz x Dominanz-Interaktionen im 1. Wurf, 8% bei den Rekombinationsverlust und 17% bei den Additiv x Additiv-Interaktionen. Die Standardfehler für Rekombinationsverluste und Additiv x Additiv-Interaktionen entsprechen dabei fast der Hälfte des Schätzwertes. Im 1. Wurf könnte beim Jakubec-Modell mit Dominanz x Dominanz-Interaktionen Multikollinearität bei den Schätzwerten für die individuellen Dominanz sowie die Dominanz x Dominanz-Interaktionen eine Rolle spielen (siehe Punkt 3.5.3).

Bei den Kreuzungsparametern für das Absetzgewicht herrschen wie beim Geburtsgewicht im wesentlichen die additiven Effekte auf individueller und mütterlicher Ebene vor, jedoch in etwas geringerem Maße. Sie entsprechen im 1. Wurf ca 15% (gi) bzw. 10% (gm) der bolivianischen Reinzuchtlinie, im 2. Wurf jeweils 8% (gi) und 21% (gm). Individuelle Dominanzeffekte (ca.4%) sind nur im 1. Wurf beim Dickerson-Modell signifikant; maternale Dominanz ist in beiden Würfen nach allen drei Modellen nicht nachzuweisen. Die Irrtumswahrscheinlichkeit der Schätzwerte für den Rekombinationseffekt und die Additiv x Additiv-Interaktionen im 1. Wurf, die positive Vorzeichen haben, liegt knapp unter 10%. Im 2. Wurf liegen lediglich die Dominanz x Dominanz-Interaktionen im Signifikanzbereich ( $p=0.07$ ) und sind negativ.

Bei der Gewichtszunahme während der Aufzuchtphase sind additive Effekte im 1. Wurf sowohl auf individueller als auch auf maternaler Ebene nicht nachzuweisen. Im 2. Wurf sind es die einzigen Kreuzungseffekte, die sich signifikant von null unterscheiden. Die individuellen Effekte (gi) liegen dabei mit einem Ausmaß von 9% auf etwa demselben Niveau wie beim Geburtsgewicht (10%) und Absetzgewicht (8%). Die maternalen Additiv-Effekte (gm) sind mit 17.6% deutlich niedriger als beim Geburtsgewicht (27%), wobei sie beim Absetzgewicht (21%) eine Zwischenstellung einnehmen. Nicht-Additive Effekte sind nur im 1. Wurf signifikant, wobei die Schätzwerte für individuelle Dominanzeffekte (hi/di) in Richtung und Signifikanz nach den verschiedenen Modellen sehr unterschiedlich sind. Nach dem Dickerson-Modell sind sie hochsignifikant und positiv und entsprechen 11% der Zunahme der bolivianischen Reinzuchtlinie. Auch nach dem Jakubec-Modell mit Additiv x Additiv-Interaktionen als epistatischem Effekt sind sie deut-

lich von null verschieden ( $p=0.046$ ), jedoch negativ mit einem Ausmaß von -18%; Dominanz x Dominanz-Interaktionen sind nicht nachzuweisen. Die maternalen Dominanzeffekte sind nach allen Modellen signifikant und positiv bei Schätzwerten von 6.6 bis 8.6%. Ähnlich sieht es bei den epistatischen Effekte aus: Sie sind nach allen Modellen signifikant positiv, wobei sich die Schätzwerte für den Rekombinationsverlust (29.3%) und die Dominanz x Dominanz-Interaktionen (23.7%) in etwa vergleichbar sind; die Additiv x Additiv-Interaktionen sind mit 58.6% ungefähr doppelt so groß.

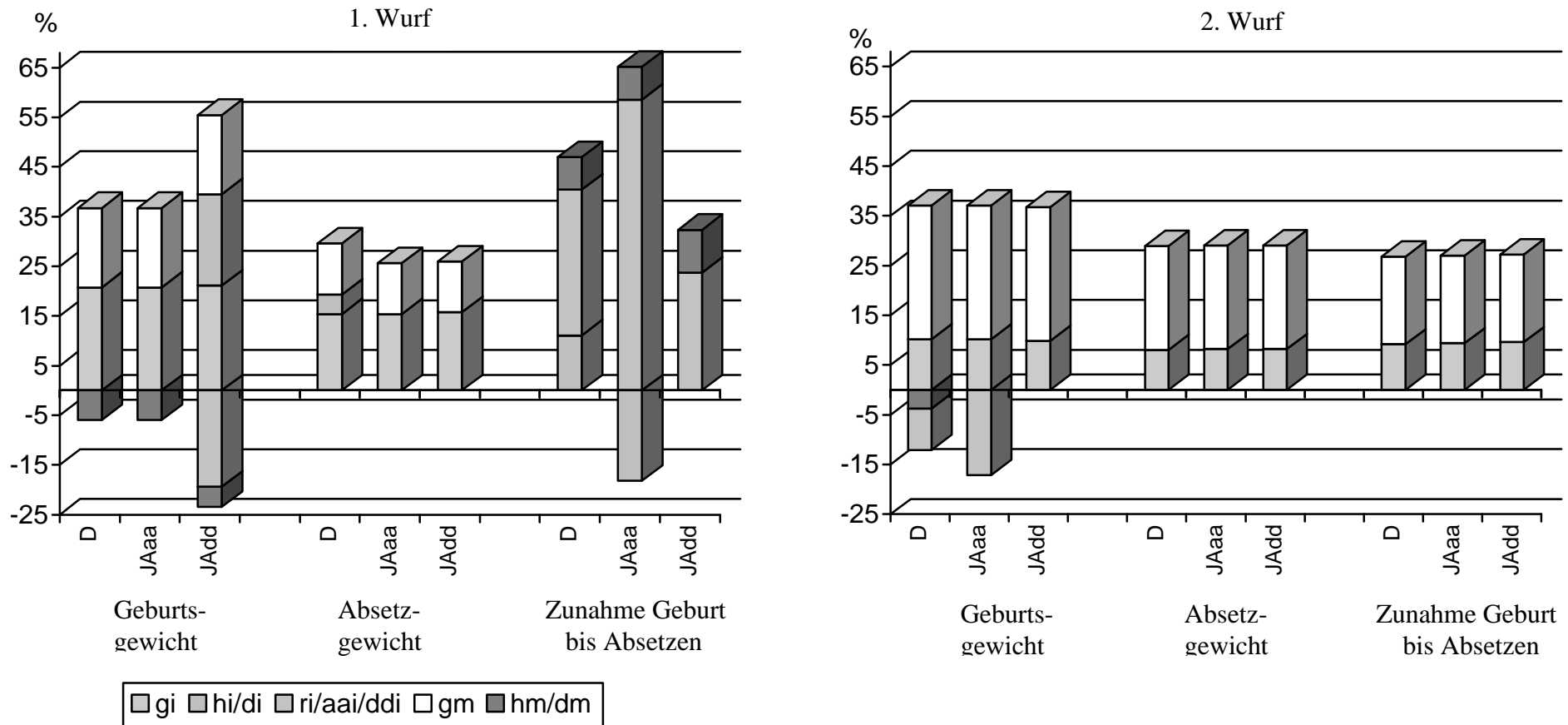
Insgesamt betrachtet, überwiegen während der Aufzuchtphase Linienunterschiede sowohl auf individueller als auch auf maternaler Ebene, wobei die Gewichtung beider Ebenen je nach Umweltbedingungen (hier Wurfnummer) unterschiedlich sein kann. Über die nicht-additiven Effekte kann keine allgemeine Aussage gemacht werden. Heterosis im Sinne des Begriffes, d.h. ein sich auf die Konstitution der Jungtiere positiv manifestierender Effekt, der hier in Form der Dominanzeffekte (di/hi) gemessen wird, kann bei sämtlichen drei Modellen nur für die maternale Dominanz bei der Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen im 1. Wurf festgestellt werden. Vereinzelt positiven individuellen Schätzwerten nach dem Dickerson-Modell stehen negative oder nicht signifikante Effekte nach dem Jakubec-Modell gegenüber und umgekehrt. Die epistatischen Effekte gemessen als Rekombinationsverlust bzw. als Additiv x Additiv-Interaktionen, wenn sie annähernd Signifikanz erreichen, stehen (ebenso wie ihre Standardfehler) im erwarteten Verhältnis 1:2 ( $r=1/2$  aa), wobei die Schätzwerte zum Teil positiv sind (Zunahme Geburt-Absetzen im 1. Wurf), zum Teil negativ (Geburtsgewicht im 2. Wurf). Mit Artefakten durch spezifische Erkrankung in der Peruanischen Linie muss vor allem im 1. Wurf bei den postnatalen Merkmalen gerechnet werden.

Tab. 4.3: GLS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Merkmale der Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen [g].

Kreuzungs- parameter	Geburtsgewicht				Absetzgewicht				Zunahme Geburt - Absetzen			
	1. Wurf		2. Wurf		1. Wurf		2. Wurf		1. Wurf		2. Wurf	
<b>GLSM BB</b>	85.8	S.E.	88.4	S.E.	147.5	S.E.	196.1	S.E.	59.4	S.E.	92.5	S.E.
g <sub>iD</sub>	<b>17.8</b>	2.3***	<b>9.0</b>	2.4***	<b>22.7</b>	4.7***	<b>15.8</b>	4.8***	4.6	3.2	<b>8.5</b>	3.2**
g <sub>iJAaa</sub>	<b>17.8</b>	2.3***	<b>9.0</b>	2.4***	<b>22.7</b>	4.7***	<b>16.1</b>	4.8***	4.6	3.2	<b>8.7</b>	3.2**
g <sub>iJAdd</sub>	<b>18.1</b>	2.3***	<b>8.7</b>	2.4***	<b>23.3</b>	4.7***	<b>16.1</b>	4.8***	4.9	3.2	<b>8.9</b>	3.2**
h <sub>iD</sub>	-1.3	1.2	<b>-3.3</b>	1.3**	<b>5.8</b>	2.5*	-3.9	2.6	<b>6.6</b>	1.7***	0.4	1.8
d <sub>iJAaa</sub>	5.9	4.0	4.3	3.8	-6.5	8.0	3.9	7.6	<b>-10.8</b>	5.4*	-0.3	5.1
d <sub>iJAdd</sub>	<b>15.8</b>	5.4**	2.7	5.2	6.0	10.8	14.0	10.4	-7.6	7.3	8.9	7.1
r <sub>iD</sub>	<b>-7.1</b>	3.7+	<b>-7.4</b>	3.7*	<b>12.3</b>	7.4+	-10.6	7.4	<b>17.4</b>	5.0***	-2.0	5.0
aa <sub>iJAaa</sub>	<b>-14.3</b>	7.3+	<b>-15.1</b>	7.0*	<b>24.7</b>	14.7+	-16.1	14.1	<b>34.8</b>	9.9***	1.0	9.5
dd <sub>iJAdd</sub>	<b>-16.6</b>	5.0***	-5.9	4.9	0.2	10.1	<b>-17.6</b>	9.7+	<b>14.1</b>	6.8*	-8.4	6.6
g <sub>mD</sub>	<b>13.7</b>	1.1***	<b>23.8</b>	1.2***	<b>15.1</b>	2.3***	<b>40.9</b>	2.5***	2.0	1.6	<b>16.3</b>	1.8***
g <sub>mJAaa</sub>	<b>13.7</b>	1.1***	<b>23.8</b>	1.2***	<b>15.1</b>	2.3***	<b>40.8</b>	2.5***	2.0	1.6	<b>16.3</b>	1.8***
g <sub>mJAdd</sub>	<b>13.7</b>	1.1***	<b>23.8</b>	1.2***	<b>15.0</b>	2.3***	<b>40.8</b>	2.5***	2.0	1.6	<b>16.3</b>	1.8**
h <sub>mD</sub>	<b>-5.1</b>	1.4***	0.8	1.3	-0.9	2.8	1.1	2.7	<b>3.9</b>	1.9*	0.9	1.8
d <sub>mJAaa</sub>	<b>-5.1</b>	1.4***	0.9	1.3	-0.9	2.8	0.6	2.6	<b>3.9</b>	1.9*	0.4	1.8
d <sub>mJAdd</sub>	<b>-3.5</b>	1.5*	0.3	1.4	1.8	2.9	2.0	2.8	<b>5.1</b>	2.0*	2.0	1.9

+: 0.05 ≤ p < 0.10; \*: 0.01 ≤ p < 0.05; \*\*: 0.001 ≤ p < 0.01; \*\*\*: p < 0.001; Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

## Jungtiergewicht und Gewichtszunahmen



**Abb. 4.3: Kreuzungsparameter für die Gewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen in % des GLS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.3: Crossbreeding parameter estimates for body weight development from birth to weaning in % of the GLS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAAa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)

#### 4.1.3.3 Überlebensrate während der Aufzucht

Die Überlebensrate während der Aufzucht ist in erster Linie vom Gesundheitszustand des Muttertiers abhängig. Jahr-Saison-Einflüsse (siehe Punkt 3.6.2) spielen dabei eine wichtige Rolle. Da nicht alle Zuchtgruppen während aller hier erfassten Jahr-Monatsklassen vertreten sind (siehe Datenstruktur, Anhang Tabelle A1), ist eine gleichzeitige Analyse beider Effekte nicht möglich. Die Überlebensraten werden deshalb nach Zuchtgruppen und nach Jahr-Saison-Monatsklassen getrennt verglichen.

**Tab. 4.4: Überlebensraten während der Aufzucht im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.** *Table 4.4 Survival rates from birth to weaning (breeding group comparison)*

Zucht- gruppe	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Überlebens- rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Überlebens- rate [%] <sup>2</sup>
BB	648	616	95.06	633	585	92.42
RKB'	89	89	100.00	132	121	91.67
RKB	104	102	98.08	150	144	96.00
Rot2B	293	276	94.20	266	248	93.23
Rot3B	289	257	88.93	211	194	91.94
PB	139	129	92.81	174	156	89.66
F2	201	193	96.02	266	247	92.86
SYN	575	535	93.04	495	444	89.70
BP	163	156	95.71	169	152	89.94
Rot3P	269	241	89.59	186	165	88.71
Rot2P	299	285	95.32	247	222	89.88
RKP	100	97	97.00	140	132	94.29
RKP'	119	110	92.44	148	134	90.54
PP	656	526	80.18	536	489	91.23
<i>Gesamt</i>	<i>3944</i>	<i>3612</i>	<i>91.58</i>	<i>3753</i>	<i>3433</i>	<i>91.47</i>

n1: Anzahl lebender Tiere bei der Geburt; n2: Anzahl der lebend geborenen Tiere, die bis zum Absetzen überlebt haben;

<sup>1)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

<sup>2)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist nicht signifikant ( $p = 0.47$ )

Die Überlebensraten im Vergleich der Zuchtgruppen sind in der Tabelle 4.4 dargestellt. Sie liegen im Durchschnitt bei ca. 91.5% in beiden Würfen. Im 1. Wurf ist der Effekt Zuchtgruppe nach dem Chi<sup>2</sup>-Test signifikant. Die Spannweite zwischen der höchsten (RKB': 100%) und der niedrigsten (PP: 80.2%) Überlebensrate beträgt ca. 20%. Dieser niedrige Wert der peruanischen Reinzuchtlinie stellt insgesamt betrachtet eine Ausnahme dar: Während die Werte der anderen Zuchtgruppen relativ kontinuierlich zwischen 88.9% (Rot3B) und 100% verteilt sind, erscheint der Abfall von 88.9% auf 80.2% sprunghaft.

Bei der Betrachtung der Überlebensraten nach Jahr-Monats-Klassen (Tab.4.5) ergibt sich für den 1. Wurf ein ähnliches Bild: Die Spannweite zwischen der besten und schlechtesten Klasse beträgt über 20%, bedingt durch die extrem schlechten Überlebenschancen der in den Monaten April und Mai des Jahres 1993 geborenen Jungtiere (93/4-5: 76.15%). Der Abstand zur nächst höheren Überlebensrate (Februar und März desselben Jahres bzw. 93/2-3: 91.34%) beträgt mehr als zwei

Drittel der gesamten Spannweite.

**Tab. 4.5: Überlebensraten während der Aufzucht im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf.** *Table 4.5: Survival rates from birth to weaning (year season month comparison)*

Jahr / Monats-Klassen	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Überlebens-rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Überlebens-rate [%] <sup>1</sup>
90/5-6	490	461	94.08	65	64	98.46
90/7				362	327	90.33
90/8-12	305	300	98.36	639	592	92.64
92/5	409	387	94.62			
92/6-8	654	618	94.50	353	346	98.02
92/9-12	477	449	94.13	1170	1027	87.78
93/2-3	1131	1033	91.34			
93/4-5	478	364	76.15	561	503	89.66
93/6-8				603	574	95.19
<i>Gesamt</i>	3944	3612	91.58	3753	3433	91.47

n1: Anzahl lebender Tiere bei der Geburt; n2: Anzahl der lebend geborenen Tiere, die bis zum Absetzen überlebt haben;

<sup>1)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

Wie bereits unter Punkt 3.6.1 beschrieben, sind die hohen Mortalitäten im April und Mai 1993 auf einen starken Krankheitsdruck zurückzuführen, auf Grund dessen auf einen Teil des Materials verzichtet werden musste. Über 78% der Tiere, die in dieser Jahr-Saison-Klasse im 1. Wurf geboren und berücksichtigt wurden, gehören der peruanischen Reinzuchtlinie an. Ihre Überlebensrate in dieser Periode beträgt ca. 73%; die der bolivianischen Linie (ca. 18% der Tiere) liegt mit 90.6% deutlich höher.

Im 2. Wurf bewegen sich die Überlebensraten der verschiedenen Zuchtgruppen zwischen 96% (RKB) und 88.7% (Rot3P), wobei mit dem Chi<sup>2</sup>-Test keine Unterschiede zwischen den Zuchtgruppen nachweisbar sind. Die Spannweite bei den Jahr-Saison-Klassen (90/5-6: 98.46%; 92/9-12: 87.78%) ist etwas höher und liegt bei 10.7%. Nach dem Chi<sup>2</sup>-Test ist der Effekt Jahr-Saison auch im 2. Wurf hochsignifikant.

#### 4.1.4 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt

Die Gewichts- und Wachstumsleistung nach dem Absetzen stellt die Leistung der Produktebene dar, d.h. der Ebene, die vermarktet wird und somit den möglichen Erlös pro ausgemästetes Tier repräsentiert. Im folgenden werden entsprechend den Ausführungen zur Gewichtsentwicklung bis zum Absetzen zunächst die Leistungen der verschiedenen Zuchtgruppen, anschließend die Kreuzungsparameter und zum Schluß die Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende dargestellt.

##### 4.1.4.1 GLS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt

Beim ersten Blick auf die Ergebnisse (siehe Tab.4.6 und Abb.4.4) ist bei sämtlichen Merkmalen

und in beiden Wurfen eine klare Tendenz zu höheren Gewichten bzw. Zunahmen mit zunehmendem peruanischen Genanteil festzustellen.

Im 1. Wurf kann man bei den Kreuzungsgruppen drei verschiedene Blöcke erkennen, die zwischen der bolivianischen und der peruanischen Reinzuchtlinie liegen: Zum einen die Zuchtgruppen der Rückkreuzungen und Rotationen auf die bolivianische Linie, die durch einen Genanteil an der peruanischen Linie von weniger als 50% (25-34.4%) charakterisiert sind, zum anderen die reziproke F1, die F2 und die Synthetics, mit jeweils 50% peruanischem Genanteil, und schließlich die Rückkreuzungen und Rotationen auf die peruanische Linie mit 65.6 bis 75% peruanischem Genanteil.

Im 2. Wurf sind Differenzierungen in den zwei oberen Blöcken zu beobachten: Im oberen Bereich erreicht die Rückkreuzung mit peruanischer Reinzuchtmutter (RKP') deutlich höhere Gewichte bzw. Zunahmen als die Rotationen (Rot2P, Rot3P) oder die Rückkreuzung mit peruanischem Vater (RKP). Sie bildet die obere Grenze der Spannweite der Zuchtgruppenmittelwerte, unterscheidet sich aber nicht signifikant von der peruanischen Reinzuchtlinie. Im mittleren Block überragt beim 56- und 84- Tage-Gewicht sowie bei den Zunahmen bis zur Mastmitte die Gruppe BP, die sich durch eine peruanische Mutter auszeichnet; die reziproke Gruppe (PB) erreicht bei sämtlichen Zunahmen dasselbe Niveau wie BP. Die Synthetics liegen bei allen Merkmalen an der Grenze zum unteren Block.

Die Unterschiede zwischen der Zuchtgruppe mit höchsten und niedrigsten Gewichten nimmt, in Standardabweichungen gemessen, von der Mastmitte bis zum Mastende zu. Beim 56-Tage-Gewicht entsprechen sie ca. 1.1 SD in beiden Wurfen, beim 84-Tage-Gewicht 1.8 SD im 1. Wurf und ca. 2 SD im zweiten. Die Unterschiede bei den Zunahmen in den einzelnen Entwicklungsabschnitten liegen im Ausmaß mit ca. 1.5 SD bei der Zunahme vom Absetzen bis zur Mastmitte bzw. 1.4 SD bei den Zunahmen von der Mastmitte bis zum Mastende dazwischen. Die Gesamtzunahmen (Geburt bis Mastende) entsprechen im Ausmaß in etwa dem 84-Tage-Gewicht; die Spannweite der Zunahmen während der Mastphase liegt mit 1.6 bis 1.7 SD etwas darunter.

Bei den sogenannten Störeffekten, um die korrigiert wurde, stellt der Jahr-Saison-Effekt mit einer Spannweite von 0.6 bis 1.3 SD den wichtigsten dar, wobei dieser bei den Gewichtszunahmen im 2. Wurf (1.1 bis 1.3 SD) in etwa doppelt so hoch ist (Ausnahme: Gesamtzunahme) wie im ersten. Der Unterschied zwischen männlichen und weiblichen Tieren liegt im 1. Wurf bei allen Merkmalen zwischen 0.25 und 0.3 SD (Ausnahme: Zunahme zwischen Mastmitte und Mastende mit 0.14 SD). Im 2. Wurf kommen die Geschlechtsunterschiede im Ausmaß von 0.33 bis 0.4 SD deutlicher zum Ausdruck. Auch hier sind diese Unterschiede bei der Zunahme von Mastmitte bis Mastende (0.26 SD) deutlich niedriger im Vergleich zu den anderen Merkmalen.

**Tab. 4.6: GLS-Zuchtgruppenmittelwerte (GLSM) und Standardfehler für Merkmale der Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen sowie insgesamt. Table 4.6: GLS Breeding group means and standard errors for body weight and growth development after weaning and in total**

Zucht- gruppe	56-Tage-Gewicht (Mastmitte)		84-Tage-Gewicht (Mastende)		Zunahme Geburt - Mastende	
	1. Wurf		1. Wurf		1. Wurf	
	GLSM	S.E.	GLSM	S.E.	GLSM	S.E.
BB	394.7	10.8 a	360.6	7.7 a	392.3	10.8 a
RKB'	424.1	13.6 ab	397.0	11.3 b	448.8	15.2 b
RKB	436.4	13.1 bc	428.0	10.9 bcde	457.8	14.4 bc
Rot2B	440.8	8.8 bc	413.4	8.7 bc	467.7	12.6 bc
Rot3B	434.1	8.7 b	411.3	9.9 bc	464.0	10.0 b
PB	457.9	10.9 bcd	433.1	8.9 cde	509.2	12.4 cde
F2	476.6	12.2 de	455.7	10.2 ef	524.4	13.2 def
SYN	459.3	8.6 cd	423.6	8.3 bcd	492.5	13.4 bcd
BP	476.4	10.5 de	497.4	8.7 gh	516.5	11.8 de
Rot3P	488.9	9.5 ef	446.4	10.6 def	541.8	12.4 efg
Rot2P	494.3	9.0 ef	473.9	9.1 fgh	555.3	14.1 fg
RKP	497.7	13.4 ef	468.4	11.5 fg	556.7	15.3 fg
RKP'	518.6	13.1 f	516.9	11.2 hi	579.7	15.0 g
PP	549.7	10.1 g	533.5	9.0 i	632.0	13.1 h

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab.3.3, Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal siehe Tab. 3.19

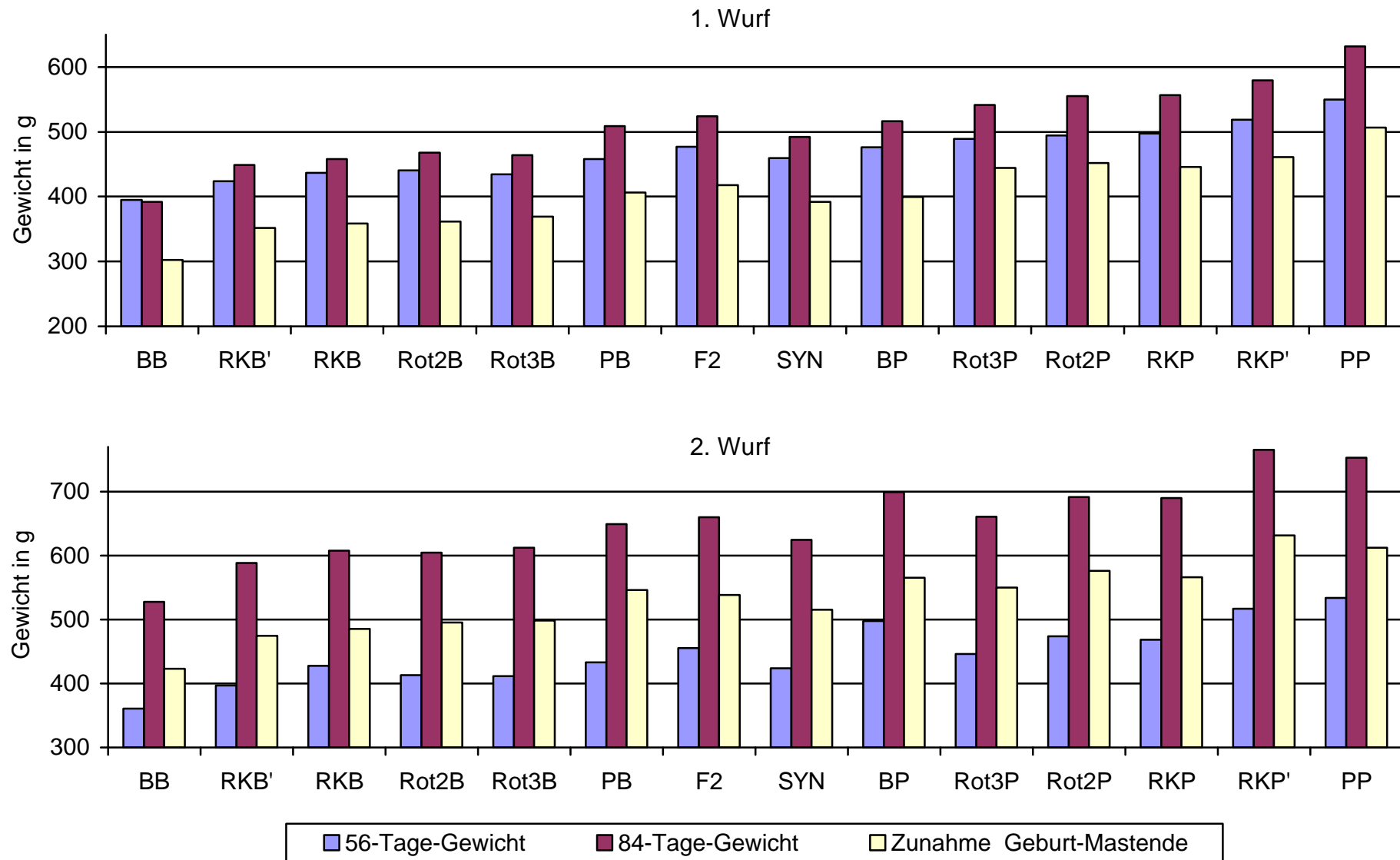
**Tab. 4.6: Fortsetzung. Table 4.6 continued**



Zucht- gruppe	Zunahme Absetzen - Mastmitte				Zunahme Mastmitte - Mastende				Zunahme Absetzen - Mastende			
	1. Wurf		2. Wurf		1. Wurf		2. Wurf		1. Wurf		2. Wurf	
	GlsM	S.E.	GlsM	S.E.	GlsM	S.E.	GlsM	S.E.	GlsM	S.E.	GlsM	S.E.
BB	225.4	7.7 a	178.8	5.3 a	42.3	3.9 a	109.2	3.5 a	245.2	8.5 a	334.6	7.8 a
RKB'	246.5	10.2 abc	200.2	8.0 ab	65.0	6.6 bc	133.0	6.4 bcd	292.8	12.6 bc	379.9	11.5 b
RKB	242.6	9.8 abcd	216.5	7.6 bc	68.7	6.3 bc	126.3	6.1 ab	287.4	11.9 b	386.0	10.9 b
Rot2B	252.4	6.3 cd	220.7	7.1 bc	66.5	4.5 b	131.8	5.0 bc	301.1	10.0 bc	402.5	10.4 b
Rot3B	250.0	6.8 bcd	218.8	7.3 bc	64.9	4.0 b	140.3	5.7 bcd	298.3	8.2 b	406.2	10.5 bc
PB	267.1	8.1 cde	247.7	6.7 de	98.1	5.1 cd	157.0	5.2 cde	340.9	10.0 cde	455.0	9.6 de
F2	268.4	9.1 cde	238.0	7.0 cd	85.8	5.5 bcd	150.1	5.6 bcde	338.5	10.8 cde	431.2	10.2 cd
SYN	269.4	6.1 cd	235.8	7.7 cd	74.6	3.9 b	140.6	4.6 bcd	324.1	10.3 bcd	424.9	11.1 c
BP	270.0	7.7 de	263.3	6.7 ef	90.9	4.7 bcd	149.3	5.3 bcde	334.5	9.5 bcde	458.2	9.7 de
Rot3P	292.8	7.1 ef	258.1	8.6 de	95.4	4.3 cd	152.9	6.1 bcde	367.9	9.9 def	459.4	12.3 de
Rot2P	307.7	6.5 f	271.8	8.0 ef	105.8	4.8 de	160.5	5.2 de	390.9	11.1 f	481.4	11.6 ef
RKP	299.4	10.0 ef	252.8	8.1 de	103.3	6.4 cde	162.5	6.3 def	380.3	12.4 ef	461.8	11.8 def
RKP'	310.7	9.8 fg	284.8	8.0 f	107.8	6.3 de	190.6	6.3 f	393.9	12.2 f	521.1	11.5 g
PP	331.7	7.4 g	282.4	7.0 f	128.3	4.1 e	168.3	3.9 ef	437.5	10.2 g	492.2	10.2 fg

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab.3.3, Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal siehe Tab. 3.19



**Abb. 4.4: Gewichtsentwicklung und Wachstumsentwicklung vom Absetzen bis zum Mastende sowie insgesamt im Vergleich der Zuchtgruppen (GLS-Mittelwerte).** *Figure 4.4: Breeding group comparison for body weight and growth development from weaning to the end of fattening and in total (GLS means)*

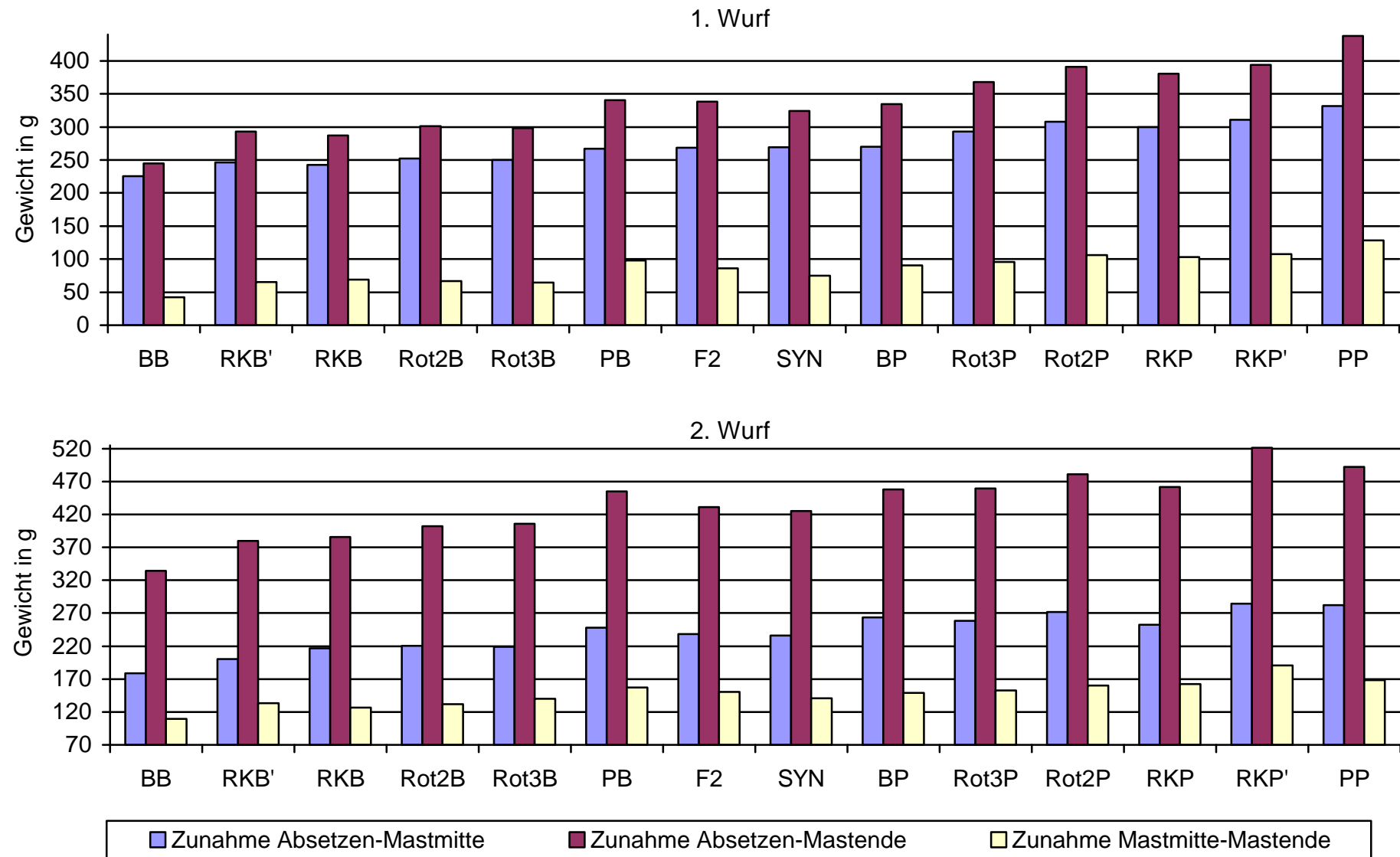


Abb. 4.4: Fortsetzung. Figure 4.4: continued

#### **4.1.4.2 GLS-Kreuzungsparameterschätzung für die Gewichtsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt**

Nach den Ergebnissen, die in der Tabelle 4.7 und der Abbildung 4.5 dargestellt sind, ist die Gewichtsentwicklung nach dem Absetzen im wesentlichen durch individuelle Liniendifferenzen (gi) geprägt. Diese sind bei allen Merkmalen nach allen drei genetischen Modellen hochsignifikant und reichen von 36% bis 85% des GLS-Schätzwertes für die bolivianische Reinzuchtlinie. Ein außergewöhnlich hoher Schätzwert (213%) liegt für die Zunahme während der Endmast im 1. Wurf vor.

Im Vergleich zu den anderen Merkmalen nach dem Absetzen sind die individuellen Linienunterschiede beim 56-Tage-Gewicht mit 36 bis 37% am niedrigsten und in beiden Würfen auf demselben Niveau. Im 2. Wurf sind außerdem noch positive maternale Linienunterschiede wirksam mit einem Ausmaß von ca. 12%. Die Dominanzeffekte, die ebenfalls nur im 2. Wurf auftreten, sind positiv und liegen nach dem Dickerson-Modell bei ca 5%, nach dem Jakubec-Modell zwischen 10 und 12%, wobei die Irrtumswahrscheinlichkeit beim Modell mit Dominanz x Dominanz-Interaktionen als epistatischem Effekt über 5% ( $p=0.057$ ) liegt. Epistatische Effekte sind weder im ersten noch im 2. Wurf nachzuweisen.

Auch beim 84-Tage-Gewicht sind im 1. Wurf die individuellen Linienunterschiede die einzigen Kreuzungsparameter, die Signifikanz erreichen. Mit knapp 60% ist ihr Ausmaß nahezu doppelt so hoch wie im 2. Wurf, wo sie bei 37% liegen. Die positiven maternalen Liniendifferenzen von 7.5% im 2. Wurf haben, verglichen mit dem 56-Tage-Gewicht, an Bedeutung verloren. Neben signifikanten positiven individuellen Dominanzeffekten (6.0% nach dem Dickerson-Modell, 8.2% nach dem Jakubec-Modell aa) treten auch negative maternale Dominanzeffekte auf, jedoch in einem relativ geringen Ausmaß von 2.5 bis 3.4%, die nur beim Jakubec-Modell dd ein Signifikanzniveau von unter 5% erreichen (Dickerson-Modell: 2.8%  $p=0.055$ , Jakubec-Modell aa: 2.5%  $p=0.084$ ). Epistatische Effekte sind nicht nachzuweisen.

Die Kreuzungsparameter für die Gesamtzunahmen entsprechen im großen und ganzen denen des Mastendgewichtes: Im ersten Wurf sind nur individuelle Linienunterschiede nachzuweisen, die mit 70.3% deutlich höher sind als im zweiten (43.7%). In diesem wirken außerdem maternale additive Effekte, die mit ca. 4.3% im Vergleich zum 56- und 84-Tage-Gewichten weniger Bedeutung haben. Dominanzeffekte sind je nach Modell sowohl auf individueller (Dickerson-Modell: 8.9%; Jakubec-Modell aa: 9.8%) als auch auf maternaler Ebene nachzuweisen (Dickerson-Modell: -3.3%; Jakubec-Modell aa: -3.0%; Jakubec-Modell dd: -3.9%), jedoch mit entgegengesetzten Richtungen.

Die individuellen Linienunterschiede bei der Zunahme vom Absetzen bis zur Mastmitte im ersten (53%) und 2. Wurf (58%) sind in etwa vergleichbar. Negative maternale Linienunterschiede in der Größenordnung von 3.6% könnten im 1. Wurf von Bedeutung sein. Sie liegen bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% an der Signifikanzschwelle. Individuelle Dominanzeffekte erreichen im ersten Wurf nur nach dem Dickerson-Modell Signifikanz, allerdings mit negativem Vorzeichen (-3.9%). Im zweiten Wurf sind sie positiv gerichtet mit einem Ausmaß von 13-18%, je nach genetischem Modell. Maternale Dominanz und epistatische Effekte können in beiden Würfen nicht nachgewiesen werden.

Die Schätzwerte für die Kreuzungsparameter bei den Zunahmen während der Endmast, ausgedrückt in der prozentualen Abweichung vom GLS-Mittelwerte der bolivianischen Linie, sind im ersten Wurf besonders auffallend durch die im Vergleich zu den anderen Merkmalen ungewöhnlich hohen Schätzwerte. Der individuelle Linienunterschied erreicht ein Ausmaß von 90.2 g bzw. 213%; die individuellen Dominanzeffekte mit einem Signifikanzniveau von unter 5% entspre-

chen 71.6% (30.3 g) (Jakubec-Modell aa) bzw. 100.7% (42.6 g) (Jakubec-Modell dd) der Zunahmen des GLS-Schätzwertes für die bolivianische Reinzuchtlinie. Die epistatischen Effekte sind nur in diesem Merkmal und Wurf nach allen drei Modellen hochsignifikant (Rekombinationsverlust: -56.5% (-23.9 g); Additiv x Additiv-Interaktionen: -113% (-47.8 g); Dominanz x Dominanz-Interaktionen: -83.9% (-35.5 g). Negative maternale Additiv-Effekte (ca -15% bzw. -6.2 g)) liegen an der Signifikanzschwelle ( $p=0.06-0.07$ ). Im zweiten Wurf liegt das Ausmaß der individuellen Liniendifferenzen bei ca. 60% (64 g); auf maternaler Ebene sind sie nicht von Bedeutung. Individuelle Dominanzeffekte (ca. 15% bzw. 16.7 g) sind nur nach dem Dickerson-Modell signifikant, maternale nach allen drei Modellen (-7.3 bis -9.4% bzw. -8.0 bis -10.3 g), allerdings in negativer Richtung. Bei den epistatischen Effekten erreichen die Dominanz x Dominanz-Interaktionen bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von knapp 10% ein Ausmaß von ca. 16% (17.3 g).

Bei den Zunahmen während der Mastphase insgesamt erreichen die individuellen Liniendifferenzen ein Ausmaß von 84% im 1. Wurf und von 51% im zweiten. Die maternalen Additiv-Effekte (-5.1%), die sich im 1. Wurf sowohl bei der Zunahme zwischen Absetzen und Mastmitte als auch bei der Zunahme zwischen Mastmitte und Mastende angedeutet hatten, haben ein Signifikanzniveau von unter 5%. Nicht-additive Effekte sind im 1. Wurf nicht nachzuweisen. Im zweiten Wurf sind neben den individuellen additiven Effekten sowohl individuelle als auch maternale Dominanzeffekte signifikant. Die positiven individuellen Dominanzeffekte liegen nach dem Dickerson- und Jakubec-Modell aa zwischen 12 und 13%, die negativen maternalen, die nach allen drei genetischen Modellen signifikant sind, zwischen -4 und -5.5%.

Neben den dominierenden individuellen Liniendifferenzen in sämtlichen Merkmalen nach dem Absetzen sind die anderen Kreuzungseffekte von untergeordneter Bedeutung und je nach Wurfnummer unterschiedlich. Im 1. Wurf deuten sich bei den Gewichtszunahmen negative maternale Additiv-Effekte im Ausmaß von 3 bis 5% an, die mit relativ hohen Standardfehlern behaftet sind. Dies bedeutet praktisch, dass es für die Gewichtsentwicklung der Tiere besser ist, den peruianischen Genanteil vom Vater und nicht von der Mutter zu nutzen. Im Vergleich zu den individuellen additiven Effekte sind die maternalen eher vernachlässigbar.

Im 2. Wurf sind bei den Gewichten sowie bei der Gesamtzunahme positive maternale Linienunterschiede festzustellen, die mit zunehmendem Alter der Nachkommen abnehmen. Da diese bei den Zunahmen nach dem Absetzen nicht auftreten, kann daraus geschlossen werden, dass sich die stark einwirkenden Maternaleffekte während der Aufzucht bis zum Mastende bemerkbar machen. Auch sind in sämtlichen Merkmalen Heterosiseffekte auf individueller Ebene von ca. 10% festzustellen. Negative maternale Dominanzeffekte von -3 bis -5%, die im Schwellenbereich der Signifikanz liegen, deuten sich an. Epistatische Effekte sind in der Gewichtsentwicklung nach dem Absetzen i.a. nicht nachzuweisen.

Die geschätzten Kreuzungsparameter für die Zunahmen während der Endmast nehmen vor allem im 1. Wurf eine Sonderstellung ein. Auf Grund der besonderen Einwirkung der Störeffekte ist das Niveau der Schätzwerte insgesamt sehr niedrig, so dass die in Prozent beschriebenen Schätzwerte deutlich überhöht sind. Wie bereits bei der Varianzkomponentenschätzung für dieses Merkmal deutlich wurde, überwiegen die nicht kontrollierbaren Umwelteffekte (siehe Punkt 4.1.2). Es ist möglich, dass es sich bei den geschätzten nicht-additiven Effekten im 1. Wurf um Artefakte handelt.

**Tab. 4.7: GLS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Merkmale der Gewichts- und Wachstumsentwicklung nach dem Absetzen und insgesamt [g]**

<b>Kreuzungs- parameter</b>	<b>56-Tage-Gewicht (Mastmitte)</b>		<b>84-Tage-Gewicht (Mastende)</b>		<b>Zunahme Geburt - Mastende</b>	
	<i>1. Wurf</i>	<i>2. Wurf</i>	<i>1. Wurf</i>	<i>2. Wurf</i>	<i>1. Wurf</i>	<i>2. Wurf</i>
<b>Gls BB</b>	394.7 S.E.	360.6 S.E.	392.3 S.E.	527.6 S.E.	302.1 S.E.	423.2 S.E.
g <sub>iD</sub>	<b>146.1</b> 10.0***	<b>129.2</b> 10.1***	<b>230.4</b> 13.8***	<b>196.5</b> 13.3***	<b>212.5</b> 11.3***	<b>184.9</b> 11.3***
g <sub>iJAaa</sub>	<b>146.1</b> 10.0***	<b>129.1</b> 10.1***	<b>230.3</b> 13.1***	<b>196.0</b> 13.3***	<b>212.5</b> 11.3***	<b>184.6</b> 11.3***
g <sub>iJAdd</sub>	<b>146.2</b> 10.0***	<b>128.7</b> 10.1***	<b>230.5</b> 13.1***	<b>195.1</b> 13.2***	<b>212.5</b> 11.3***	<b>184.0</b> 11.3***
h <sub>iD</sub>	-7.2 5.5	<b>17.0</b> 5.7**	-2.2 7.7	<b>31.9</b> 7.5***	-0.1 6.5	<b>37.7</b> 6.6***
d <sub>iJAaa</sub>	-2.4 16.9	<b>38.4</b> 16.2*	11.8 22.2	<b>43.0</b> 21.3*	8.5 19.1	<b>41.3</b> 18.4*
d <sub>iJAdd</sub>	3.0 23.1	<b>42.5</b> 22.3+	21.4 30.5	18.3 29.4	11.5 26.4	21.0 25.4
r <sub>iD</sub>	-4.9 15.6	-18.9 15.6	-13.2 21.6	-2.7 20.5	-8.6 17.6	2.4 17.6
aa <sub>iJAaa</sub>	-9.7 31.2	-42.6 30.1	-28.2 50.0	-21.1 39.6	-17.2 35.1	-6.4 34.1
dd <sub>iJAdd</sub>	-10.0 21.7	-24.8 21.0	-23.1 28.5	13.7 27.6	-11.4 24.6	16.6 23.9
g <sub>mD</sub>	8.2 5.3	<b>42.5</b> 5.7***	5.3 7.3	<b>39.5</b> 7.5***	-10.2 6.4	<b>18.4</b> 6.7**
g <sub>mJAaa</sub>	8.2 5.3	<b>42.5</b> 5.7***	5.0 7.0	<b>39.4</b> 7.5***	-10.2 6.4	<b>18.3</b> 6.7**
g <sub>mJAdd</sub>	8.2 5.3	<b>42.4</b> 5.7***	5.0 7.0	<b>39.3</b> 7.5***	-10.2 6.4	<b>18.3</b> 6.7**
h <sub>mD</sub>	0.6 6.0	-3.9 5.8	3.8 8.4	<b>-14.6</b> 7.6+	7.5 7.0	<b>-14.0</b> 6.7*
d <sub>mJAaa</sub>	0.6 6.0	-3.4 5.7	4.2 8.0	<b>-13.0</b> 7.5+	7.5 7.0	<b>-12.9</b> 6.6+
d <sub>mJAdd</sub>	1.4 6.4	-3.6 6.0	5.5 8.5	<b>-17.7</b> 7.9*	7.8 7.5	<b>-16.5</b> 6.9*

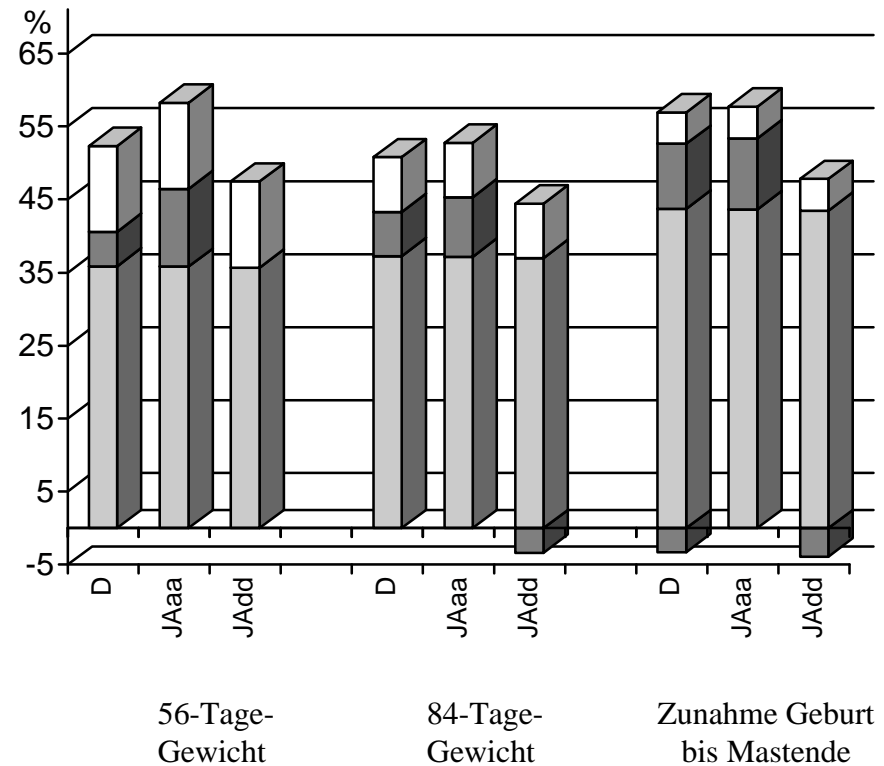
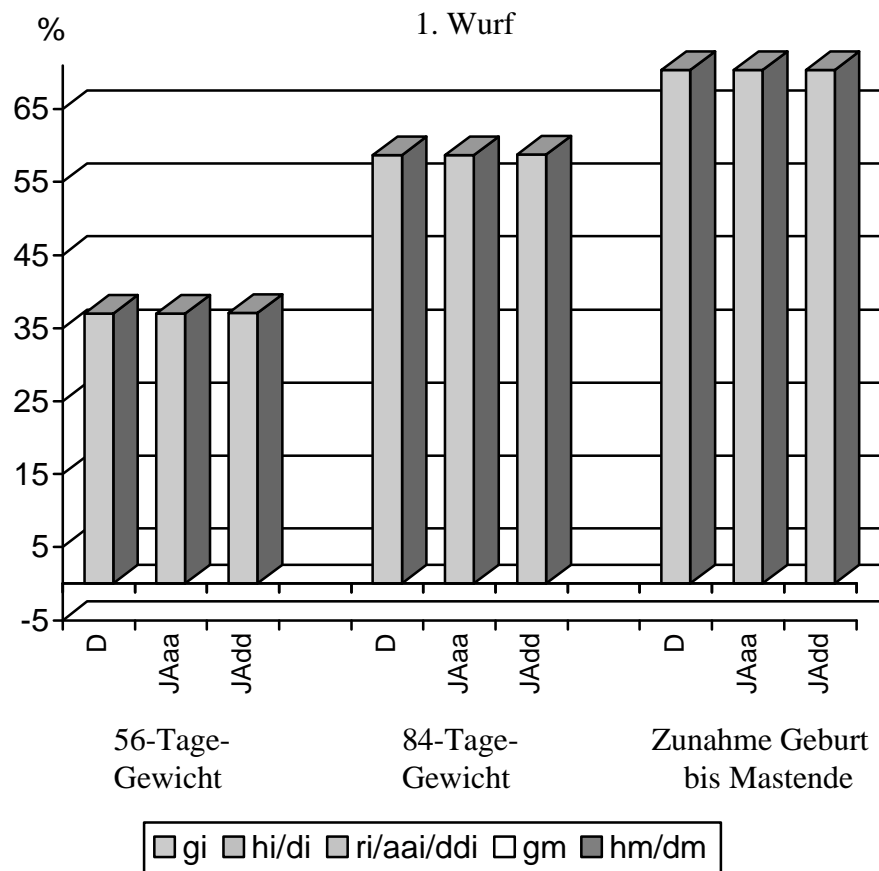
+:  $0.05 \leq p < 0.10$ ; \*:  $0.01 \leq p < 0.05$ ; \*\*:  $0.001 \leq p < 0.01$ ; \*\*\*:  $p < 0.001$ ; Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

Tab. 4.7: Fortsetzung. Table 4.7: continued

Kreuzungs- parameter	Zunahme Absetzen - Mastmitte				Zunahme Mastmitte - Mastende				Zunahme Absetzen- Mastende			
	1. Wurf		2. Wurf		1. Wurf		2. Wurf		1. Wurf		2. Wurf	
<b>Gls BB</b>	225.4	S.E.	178.8	S.E.	42.3	S.E.	109.2	S.E.	245.2	S.E.	334.6	S.E.
g <sub>iD</sub>	<b>119.3</b>	7.2***	<b>103.5</b>	7.2***	<b>90.2</b>	4.5***	<b>64.2</b>	4.6***	<b>205.3</b>	10.4***	<b>169.6</b>	10.5***
g <sub>iJAaa</sub>	<b>119.3</b>	7.2***	<b>103.3</b>	7.2***	<b>90.2</b>	4.5***	<b>64.2</b>	4.6***	<b>205.3</b>	10.4***	<b>169.2</b>	10.5***
g <sub>iJAdd</sub>	<b>118.9</b>	7.2***	<b>103.0</b>	7.2***	<b>90.3</b>	4.5***	<b>63.9</b>	4.6***	<b>205.1</b>	10.4***	<b>168.4</b>	10.5***
h <sub>iD</sub>	<b>-8.9</b>	4.2*	<b>24.0</b>	4.3***	<b>6.3</b>	3.3+	<b>16.7</b>	3.3***	-4.2	6.1	<b>40.0</b>	6.2***
d <sub>iJAaa</sub>	5.4	12.1	<b>32.8</b>	11.87**	<b>30.3</b>	7.9***	12.3	7.9	22.5	17.6	<b>42.2</b>	17.0*
d <sub>iJAdd</sub>	1.2	16.8	<b>27.9</b>	16.3+	<b>42.6</b>	11.2***	-0.8	11.1	25.4	24.4	13.8	23.6
r <sub>iD</sub>	-14.3	11.2	-5.9	11.2	<b>-23.9</b>	7.1***	6.0	7.3	-26.7	16.2	4.9	16.2
aa <sub>iJAaa</sub>	-28.6	22.4	-17.2	21.8	<b>-47.8</b>	14.2***	9.1	14.4	-53.3	32.4	-3.3	31.6
dd <sub>iJAdd</sub>	-10.1	0.5	-3.6	15.3	<b>-35.5</b>	10.3***	<b>17.3</b>	10.3+	-29.1	22.8	26.0	22.2
g <sub>mD</sub>	<b>-8.2</b>	4.2+	6.3	4.4	<b>-6.2</b>	3.3+	1.4	3.4	<b>-12.5</b>	6.0*	4.8	6.3
g <sub>mJAaa</sub>	<b>-8.2</b>	4.2+	6.3	4.4	<b>-6.2</b>	3.3+	1.3	3.4	<b>-12.5</b>	6.0*	4.8	6.3
g <sub>mJAdd</sub>	<b>-8.2</b>	4.2+	6.3	4.4	<b>-6.2</b>	3.3+	1.3	3.4	<b>-12.4</b>	6.0*	4.7	6.3
h <sub>mD</sub>	0.4	4.5	-4.5	4.3	1.4	3.3	<b>-8.3</b>	3.1**	4.1	6.5	<b>-14.8</b>	6.2*
d <sub>mJAaa</sub>	0.4	4.5	-3.9	4.3	1.4	3.3	<b>-8.0</b>	3.1*	4.1	6.5	<b>-13.5</b>	6.1*
d <sub>mJAdd</sub>	-0.9	4.8	-5.2	4.5	3.1	3.6	<b>-10.3</b>	3.3**	3.7	7.0	<b>-18.5</b>	6.5**

+: 0.05 ≤ p &lt; 0.10; \*: 0.01 ≤ p &lt; 0.05; \*\*: 0.001 ≤ p &lt; 0.01; \*\*\*: p &lt; 0.001; Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

## Jungtiergewicht und Gewichtszunahmen



**Abb.4.5: Kreuzungsparameter für die Gewichts- und Wachstumsentwicklung vom Absetzen bis zum Mastende sowie insgesamt in % des GLS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.5: Crossbreeding parameter estimates for body weight and growth development from weaning to the end of fattening and in total in % of the GLS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)



## Jungtiergewicht und Gewichtszunahmen

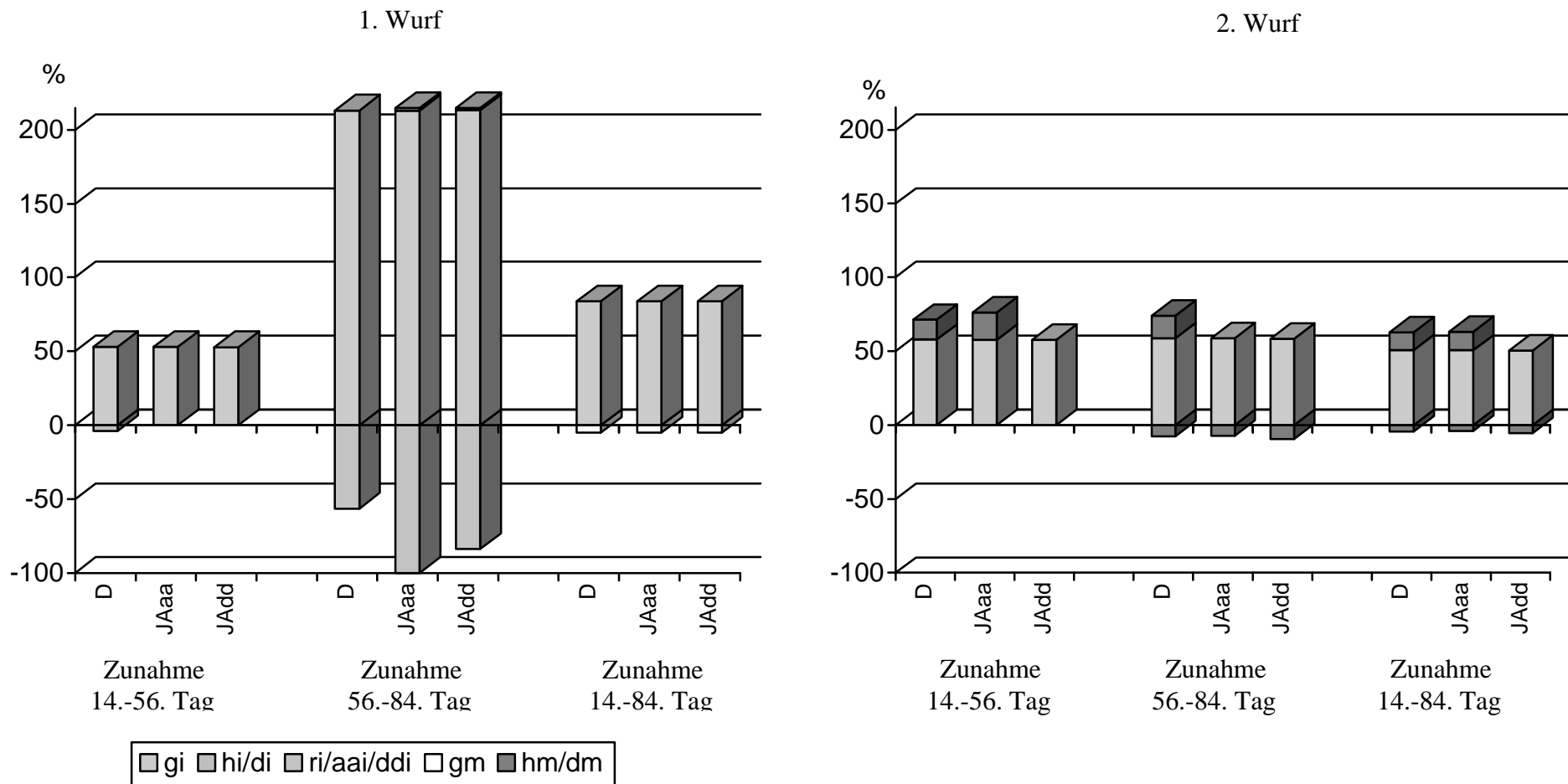


Abb. 4.5: Fortsetzung. Figure 4.5: continued

#### 4.1.4.3 Überlebensrate vom Absetzen bis zum Mastende

Die Überlebensraten vom Absetzen bis zum Mastende sind in beiden Würfen mit ca. 94 bis 95% in etwa gleich. Jedoch ist eine beträchtliche Variation infolge von Jahr-Saison- und eventuell Zuchtgruppen-Effekten erkennbar (siehe Tab. 4.8 und 4.9).

**Tab. 4.8: Überlebensraten vom Absetzen bis zum Mastende im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.** *Table 4.8: Survival rates from weaning to the end of fattening (breeding group comparison)*

Zucht- gruppe	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Überlebens- rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Überlebens- rate [%] <sup>2</sup>
BB	613	597	97.39	579	549	94.82
RKB'	89	79	88.76	121	116	95.87
RKB	102	92	90.20	144	138	95.83
Rot2B	268	255	95.15	242	231	95.45
Rot3B	257	249	96.89	194	187	96.39
PB	125	123	98.40	152	141	92.76
F2	193	172	89.12	247	228	92.31
SYN	528	507	96.02	430	410	95.35
BP	156	149	95.51	141	134	95.04
Rot3P	241	235	97.51	165	159	96.36
Rot2P	275	267	97.09	214	204	95.33
RKP	97	94	96.91	132	123	93.18
RKP'	108	96	88.89	134	128	95.52
PP	522	476	91.19	442	399	90.27
<i>Gesamt</i>	3574	3391	94.88	3337	3147	94.31

n1: Anzahl abgesetzter Jungtiere; n2: Anzahl der abgesetzten Tiere, die bis zum Mastende überlebt haben;

<sup>1)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

<sup>2)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist nicht signifikant ( $p = 0.06$ )

Die Spannweite der Überlebensraten im Vergleich der Zuchtgruppen reicht im 1. Wurf von ca. 89% (RKB', F2, RKP') bis 98% (PB), während sie sich im zweiten von ca. 90 (PP) bis 96% (Rot3B, Rot3P) bewegt. Der Effekt Zuchtgruppe - ohne Berücksichtigung der Jahr-Saison-Effekte - ist im 1. Wurf hochsignifikant, im zweiten liegt er knapp über der Signifikanzschwelle von 5%. Wie bereits bei der Überlebensrate während der Aufzucht erwähnt, ist eine gleichzeitige Berücksichtigung der beiden Effekte auf Grund der vorliegenden Datenstruktur nicht möglich.

Die niedrigsten Überlebensraten im 1. Wurf können auf die ungünstigen Umweltverhältnisse in den Monaten Mai und Juni des Jahres 1990 zurückgeführt werden, in denen die Mehrzahl der Tiere sämtlicher Rückkreuzungen und der F2 geboren wurden (Tab.4.8). Auffallend hierbei ist, dass die „normale“ Rückkreuzung P (RKP) mit einer Überlebensrate von ca. 97% davon nicht betroffen ist. Da zu dieser Periode keine weiteren Hintergrundinformationen vorliegen, kann nicht beurteilt werden, ob es sich hierbei um eine Genotyp x Umwelt-Interaktion handelt, oder ob sonstige spezifische Einflüsse eine Rolle spielen.

Die Überlebensrate der Peruanischen Reinzuchtlinie nimmt, die oben genannten Zuchtgruppen außer Acht gelassen, sowohl im ersten als auch im 2. Wurf mit 91.2% bzw. 90.3% den niedrig-

sten Rang ein, der sich im 2. Wurf nicht durch die allgemeinen Jahr-Saison-Verhältnisse erklären lässt. Im 1. Wurf könnte sich die erhöhte Sterblichkeit durch die in den Monaten April und Mai aufgetretene Krankheit, von der vorwiegend diese Tiere betroffen waren, erklären lassen. Die durch die Krankheit bedingten niedrigen Zuwachsraten während der Aufzucht könnten für eine Schwächung der Tiere beim Absetzen verantwortlich sein, was sich in einer erhöhten Mortalität in der ersten Zeit danach ausdrückt.

Die höchsten Überlebensraten weisen im 1. Wurf - nach der Zuchtgruppe PB - die bolivianische Reinzuchtlinie und die Rotationsgruppen mit über 97% auf. Im 2. Wurf zählt die Gruppe PB eher zu den niedrigeren Rängen. Insgesamt bewegen sich die Überlebensraten dort, wenn man die peruanische Reinzuchtlinie nicht mitzählt, in einem recht engen Spektrum von ca. 4%.

**Tab. 4.9: Überlebensraten vom Absetzen bis zum Mastende im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf. Table 4.9: Survival rates from weaning to the end of fattening (year season month comparison)**

Jahr / Monats-Klassen	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Überlebens-rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Überlebens-rate [%] <sup>2</sup>
90/5-6	458	403	87.99	64	55	85.94
90/7				327	303	92.66
90/8-12	300	287	95.67	592	557	94.09
92/5	378	366	96.83			
92/6-8	612	581	94.93	345	329	95.36
92/9-12	430	414	96.28	945	880	93.12
93/2-3	1033	1002	97.00			
93/4-5	363	338	93.11	503	485	96.42
93/6-8				561	538	95.90
Gesamt	3574	3391	94.88	3337	3147	94.31

n1: Anzahl abgesetzter Jungtiere; n2: Anzahl der abgesetzten Tiere, die bis zum Mastende überlebt haben;

<sup>1)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

<sup>2)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p = 0.0043$ )

Wie bei den Überlebensraten während der Aufzucht ist durch die Signifikanz oder Nicht-Signifikanz der geprüften Effekte nicht unbedingt eine den tatsächlichen Verhältnissen entsprechende Interpretation möglich, da nicht-prüfbare Interaktionen eine nicht zu vernachlässigende Rollen spielen können. Jahr-Saison-Effekte scheinen zweifellos von größerer Bedeutung zu sein als Zuchtgruppeneffekte. Bei den letzteren deutet sich eine Unterlegenheit der peruanischen Reinzuchtlinie bei den spezifischen im Projekt Mejocuy bestehenden Haltungsbedingungen an.

#### 4.1.4.4 Östrusexpression weiblicher Tiere bis zum Alter von 84 Tagen

Wie unter Punkt 3.4.1 bereits angedeutet, soll die Östrusexpression bis zum Alter von 84 Tagen im Vergleich der Zuchtgruppen einen Hinweis auf die Empfindlichkeit gegenüber widrigen Umwelteinflüssen geben. Eine Beziehung zwischen der Östrusexpression und der Frühreifeentwicklung hingegen erscheint zweifelhaft. Entsprechend der Überlebensraten wurde die Analyse getrennt nach den Effekten Zuchtgruppe und Jahr-Saison bzw. Monat durchgeführt. Bei dieser Untersuchung handelt es sich um eine Stichprobe aus den beiden Würfen der Generationen 4 und 5, wobei auch die Zusatzanpaarungen II mitberücksichtigt worden sind. Die Ergebnisse sind in den Tabellen 4.10 und 4.11 dargestellt.

**Tab. 4.10: Östrusexpression bis zum 84. Lebenstag im Vergleich der Zuchtgruppen. Table 4.10: Oestrus expression till the 84th day of age (breeding group comparison)**

Zuchtgruppe	n1	n2	Östrus-expression [%] <sup>1</sup>
BB	95	61	64.21
Rot2B	58	46	79.31
Rot3B	64	32	50.00
PB	56	41	73.21
F2	56	37	66.07
SYN	137	68	49.64
BP	59	48	81.36
Rot3P	68	36	52.94
Rot2P	59	37	62.71
PP	91	37	40.66
Gesamt	743	443	59.62

n1: Anzahl untersuchter Tiere; n2: Anzahl der untersuchten Tiere mit mindestens einem Östrus bis zum Alter von 84 Tagen;

<sup>1)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

Insgesamt sind bei ca. 60% der untersuchten Tiere bis zum Alter von 84 Tagen Östrusmerkmale (Ruptur der Vaginalmembran, Kirschrotfärbung der Vulva) nachzuweisen. Dabei ist sowohl der Effekt Zuchtgruppe als auch der Jahr-Saison-Monats-Effekt hochsignifikant. Die Zuchtgruppe mit dem höchsten Anteil von Tieren, die einen Östrus aufweisen, ist die Gruppe BP mit 81.4%, d.h. die F1-Tiere mit peruanischer Mutter, gefolgt von der Rot2B mit 79.3%. Diese könnten durch den positiven maternalen Einfluss einer Mutter mit hohem peruanischen Genanteil auf das Geburtsgewicht und die Entwicklung während der Aufzucht unter günstigen Umweltbedingungen einen Vorteil haben. Zu den Gruppen mit der niedrigsten Östrusexpression gehören die peruanische Reinzuchtlinie (40.7%), gefolgt von den Synthetics und der Rot3B mit jeweils 50%. Bei diesen Gruppen wurde allerdings ein beträchtlicher Teil in den ungünstigsten Jahr-Saison-Monatsklassen geboren (siehe Datenstruktur Anhang Tab. A5). Die bolivianische Reinzuchtlinie liegt mit 64% etwas über dem Durchschnitt.

Die Spannweite der Östrusexpression der Tiere nach Jahr-Monats-Klassen variiert zwischen 33.3 und 82.1% und ist um fast 10% höher als die der Zuchtgruppen. Die schlechtesten Umweltbedingungen sind durch den starken Krankheitsdruck im April und Mai 1993 bedingt, die günstigsten in den Monaten Juni und Juli desselben Jahres auf indirekte Weise ebenfalls: Durch die hohe Sterblichkeit der betroffenen Muttertiere im 1. Wurf ergaben sich für die überlebenden im 2.

Wurf bessere Haltungsbedingungen wie ein größeres Platzangebot und eine bessere Futterversorgung.

**Tab. 4.11: Östrusexpression bis zum 84. Lebenstag im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen. Table 4.11: Oestrus expression till the 84th day of age (year season month comparison)**

Jahr / Monats-Klassen	n1	n2	Östrus-expression [%] <sup>1</sup>
92/8-9	186	122	65.59
92/11	167	118	70.66
93/2-3	89	48	53.93
93/4-5	189	63	33.33
93/6-7	112	92	82.14
<i>Gesamt</i>	743	443	59.62

n1: Anzahl untersuchter Tiere; n2: Anzahl der untersuchten Tiere mit mindestens einem Östrus bis zum Alter von 84 Tagen;

<sup>1)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

Wie bei den Überlebensraten können auf Grund der sehr wahrscheinlichen Genotyp x Umwelt-Interaktionen abschließend keine eindeutigen Aussagen zu den einzelnen Effekten gemacht werden. Aus den Ergebnissen kann jedoch geschlossen werden, dass Jahr-Saison-Effekte eine bedeutende Rolle spielen, auf die die einzelnen Zuchtgruppen unterschiedlich reagieren, wobei die peruanische Reinzuchtlinie am empfindlichsten auf widrige Umweltbedingungen zu reagieren scheint.

## 4.2 Schlachtleistung

Die Vermarktung der Meerschweinchen in Bolivien und insbesondere am Untersuchungsstandort findet zwar in Form des Lebeltierhandels statt. Dennoch ist es von züchterischer Bedeutung, die wesentlichen zuchtgruppenspezifischen Schlachtleistungsmerkmale zu kennen. Der folgenden Untersuchung liegt nur ein Teilmaterial zu Grunde, das ausschließlich aus männlichen Tieren besteht. Wie bei der Untersuchung der Östrusexpression handelt es sich um Tiere der Generationen 4 und 5, wobei die Zusatzanpaarungen II (siehe Abb.3.3) mitberücksichtigt sind.

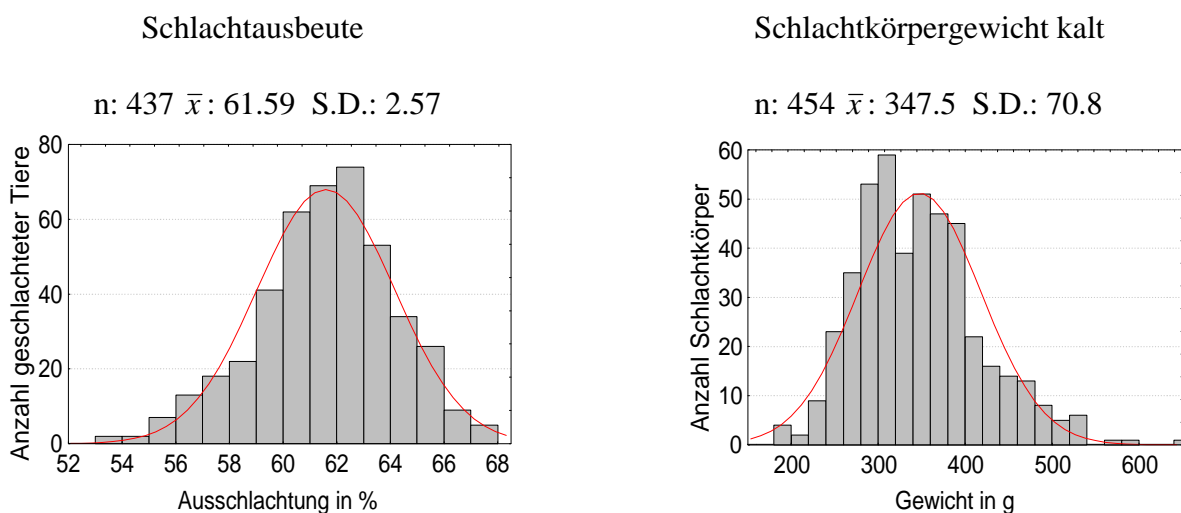
### 4.2.1 Verteilungsprofile

Die Verteilungen der Rohdaten des untersuchten Materials sind in der Abbildung 4.6 dargestellt. Die Schlachtleistungsprüfung wurde ca. 24 Stunden (Nüchterung) nach dem Erreichen des Mastendes (84. Lebenstag) durchgeführt, wobei die Tiere im Durchschnitt ca. 7.5% ihres Mastendgewichtes verloren. Eine detaillierte Beschreibung des Schlachtvorganges erfolgte unter Punkt 3.2.5.4.

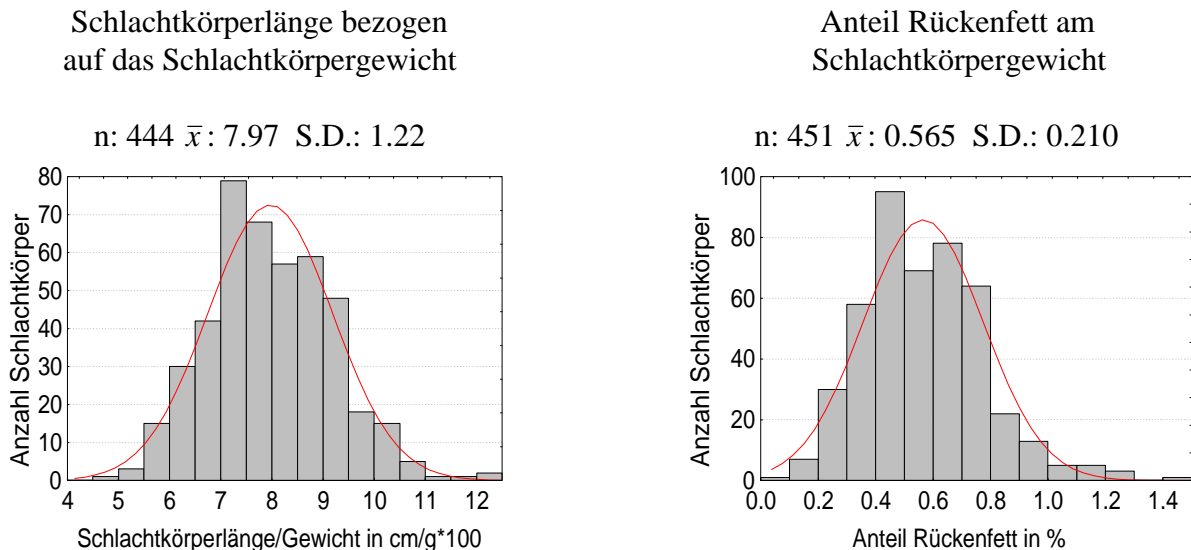
Der Ausschlachtungsanteil, der Haut, Kopf und Pfoten miteinschließt, variiert zwischen 53 und 67% und liegt im Durchschnitt bei 61 bis 62%. Ein Effekt der Zuchtgruppe konnte bei diesem Merkmal nicht nachgewiesen werden, jedoch signifikante Jahr-Saison-Einflüsse.

Das Schlachtkörpergewicht variiert von knapp unter 200 g bis ca. 600 g ( $\bar{x}$ : 347.5 g), was ca. 5.6 phänotypischen Standardabweichungen entspricht. Die Spannweite der auf das Schlachtkörpergewicht bezogenen Schlachtkörperlänge liegt bei 0.9 SD ( $(\bar{x}: 7.97 \text{ cm/g} \cdot 100; \text{SD}: 1.22 \text{ cm/g} \cdot 100)$ ).

Die Verteilung des Rückenfetts bezogen auf das Schlachtkörpergewicht reicht von 0.12 bis 1.45%, wobei der Mittelwert 0.57% (SD: 0.21%) beträgt. Die Werte bewegen sich auf einer sehr niedrigen Ebene.



**Abb. 4.6: Verteilungsprofile von Schlachtleistungsmerkmalen auf der Basis eines Teilmaterials.** *Figure 4.6: Distribution profiles of carcass traits*



**Abb.4.6: Fortsetzung.** *Figure 4.6 continued*

#### 4.2.2 LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für Schlachtleistungsmerkmale

Beim Vergleich der LS-Zuchtgruppenmittelwerte (siehe Tab.4.12 und Abb.4.7) ist beim Schlachtkörpergewicht und beim Rückenfettanteil die Tendenz einer mit peruanischen Genanteil wachsenden Zunahme zu erkennen, bei der auf das Schlachtkörpergewicht bezogenen Schlachtkörperlänge hingegen eine Abnahme.

Die beiden Reinzuchtlinien stellen bei sämtlichen hier erfassten Merkmalen die äußeren Grenzen dar, zwischen denen sich die Kreuzungsgruppen bewegen.

Beim Schlachtkörpergewicht entspricht die Spannweite zwischen dem höchsten und niedrigsten Zuchtgruppenmittelwert 1.5 phänotypischen Standardabweichungen. Während sich die bolivianische Reinzuchtlinie deutlich von allen anderen Zuchtgruppen abgrenzt, sind die Unterschiede zwischen den Kreuzungsgruppen mit einem peruanischen Genanteil von über 50% (inkl. die Zuchtgruppe BP) von der peruanischen Reinzuchtlinie nicht signifikant. Eine Ausnahme bildet die Rot3P, die zusammen mit der Rot3B und F2 gegenüber vergleichbaren Zuchtgruppen etwas niedrigere Leistungen erbringen. Es handelt sich dabei um die Zuchtgruppen, die im 1. Wurf von der oben bereits mehrmals erwähnten Krankheit betroffen waren. Es besteht daher die Möglichkeit, dass dieser Effekt mit der Jahr-Saison-Korrektur nicht ganz ausgeschaltet werden konnte.

Insgesamt betrachtet wird deutlich, daß es nur eines geringen peruanischen Genanteils bedarf, um das Schlachtgewicht im Vergleich zur bolivianischen Reinzuchtlinie merklich zu erhöhen. Ab einem peruanischen Genanteil von 50% sind unter den gegebenen Haltungsbedingungen keine Unterschiede im Schlachtkörpergewicht zu erwarten.

Der Unterschied zwischen den beiden Reinzuchtlinien in der auf das Körpergewicht bezogenen Schlachtkörperlänge liegt bei ca. 1.8 phänotypischen Standardabweichungen. Die relative Schlachtkörperlänge ist bei der bolivianischen Linie mit 8.95 cm/g\*100 deutlich länger als bei allen anderen Zuchtgruppen. Die Kreuzungsgruppen bis zu einem peruanischen Genanteil von 50% - mit Ausnahme der Zuchtgruppe BP - , deren relative Schlachtkörperlänge zwischen 8.09 und 8.41 cm/g\*100 variiert, unterscheiden sich nicht signifikant voneinander. Bei den anderen ist

i.a. eine kontinuierliche Abnahme mit zunehmendem peruanischen Genanteil zu erkennen. Während beim Schlachtkörpergewicht die Zuchtgruppenmittelwerte für die Rot3B, Rot3P und F2 vergleichsweise niedrig waren, sind sie bei der relativen Schlachtkörperlänge etwas erhöht, was auf dieselbe Ursache zurückzuführen ist.

**Tab. 4.12: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Schlachtleistungsmerkmale. Table 4.12: LS breeding group means and standard errors for carcass traits**

Zucht- gruppe	Schlachtkörper- gewicht kalt <sup>1</sup> [g]		Schlachtkörperlänge / Schlachtkörpergewicht [cm/g*100]		Anteil Rückenfett am Schlachtkörpergewicht [%]	
	LSM	S.E.	LSM	S.E.	LSM	S.E.
BB	280.5	9.4 a	8.95	0.18 f	0.52	0.036 A
Rot2B	340.8	11.9 bcde	8.23	0.22 de	0.54	0.046 A
Rot3B	317.2	10.9 b	8.41	0.20 e	0.51	0.042 a
PB	347.1	12.0 cde	8.10	0.23 cde	0.54	0.046 a
F2	334.1	11.4 bc	8.24	0.21 de	0.51	0.044 a
SYN	341.1	8.8 cd	8.09	0.16 cde	0.56	0.033 a
BP	365.1	11.8 ef	7.71	0.22 bc	0.54	0.045 a
Rot3P	357.1	11.0 de	7.92	0.21 cd	0.57	0.042 ab
Rot2P	385.2	12.0 f	7.37	0.23 ab	0.65	0.046 bc
PP	385.5	9.9 f	7.17	0.20 a	0.70	0.038 c

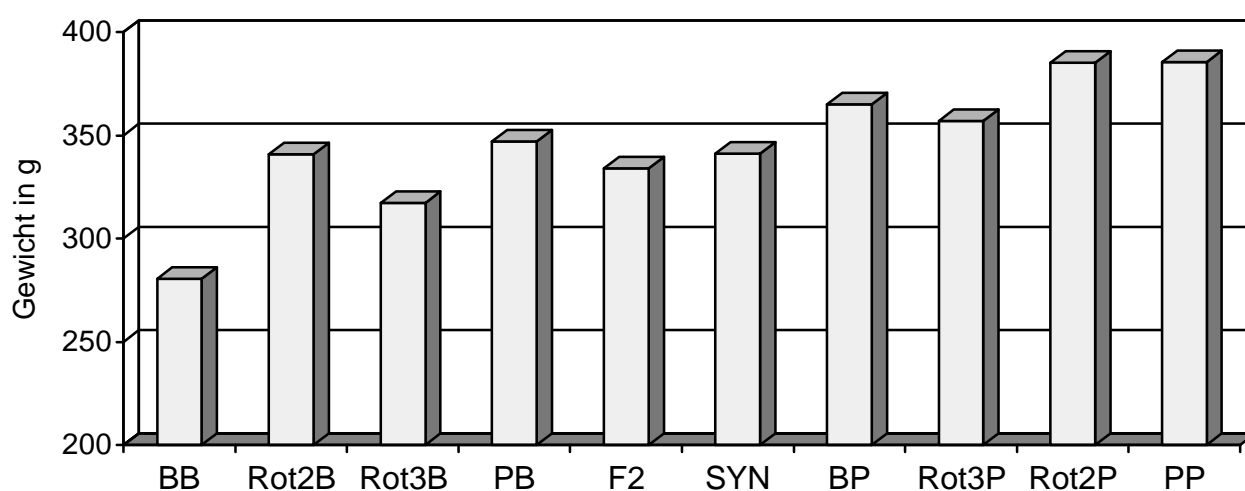
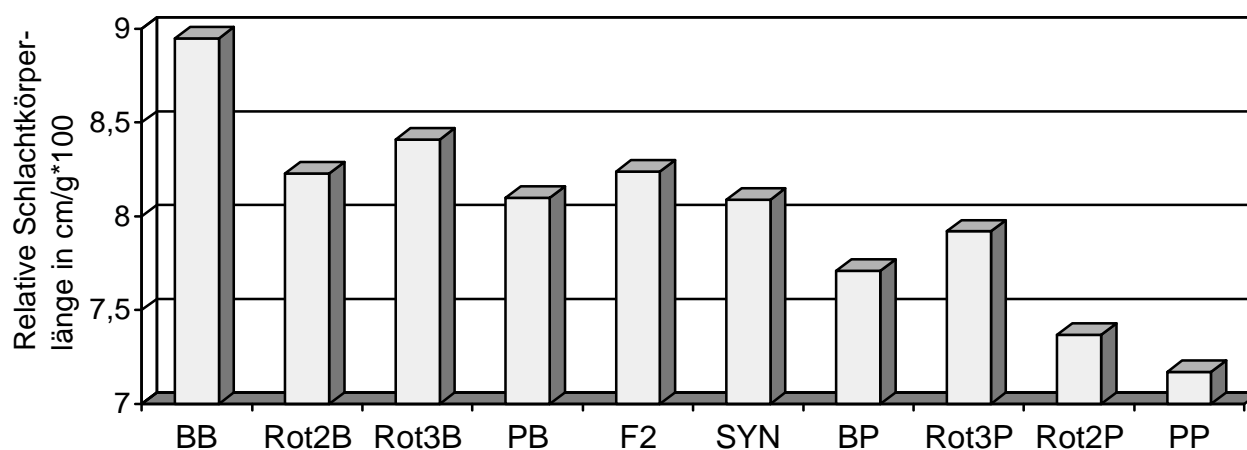
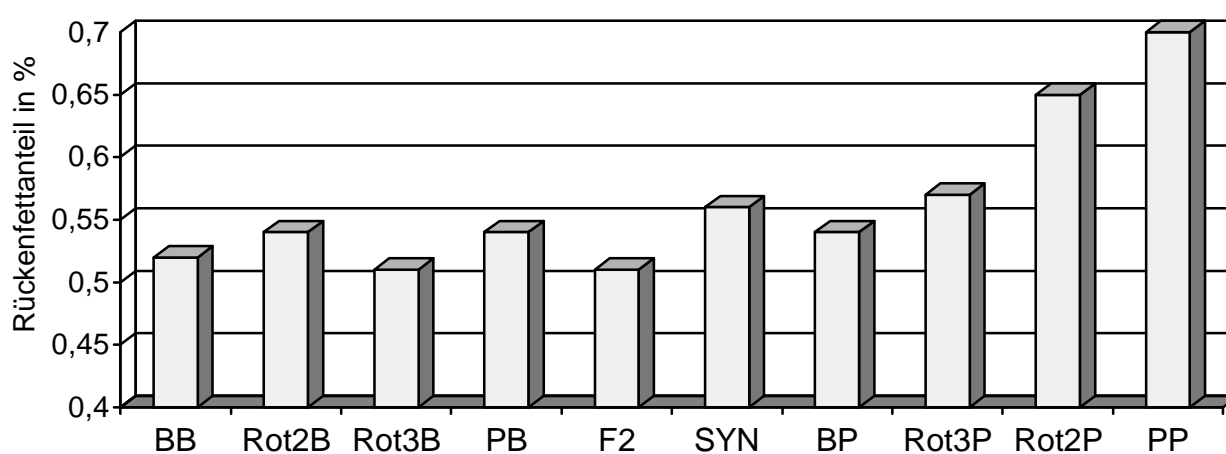
<sup>1)</sup> mit Haut

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )  
Stichprobenumfang je Zuchtgruppe siehe Tab. 3.22

Die Spannweite der Zuchtgruppenmittelwerte beim Rückenfettanteil ist, gemessen in phänotypischen Standardabweichungen, mit 0.9 SD geringer als beim Schlachtkörpergewicht und der relativen Schlachtkörperlänge. Sie reicht von 0.51 bis 0.70%. Es sind keine signifikanten Unterschiede zwischen der bolivianischen Reinzuchtlinie und sämtlichen Zuchtgruppen bis zu einem peruanischen Genanteil von 50% zu erkennen. Die Fetteinlagerung bei den Zuchtgruppen mit mehr als 50% Genanteil ist deutlich höher als bei den anderen.

Bei den Störeffekten sind die Jahr-Saison-Effekte mit einem Ausmaß von ca. 1.6 SD bzw. 1.5 SD beim Schlachtkörpergewicht bzw. bei der relativen Schlachtkörperlänge die wichtigsten. Beim Rückenfettanteil sind es 1.0 SD. Der Effekt der Wurfgröße spielt vor allem bei den Größenmerkmalen eine Rolle (Ausmaß: 0.7-0.75 SD), beim Rückenfettanteil ist er nicht signifikant. Der Wurfnummereffekt liegt sowohl für das Schlachtkörpergewicht als auch für die relative Schlachtkörperlänge im Ausmaß bei 0.3-0.4 SD (Schlachtkörperlänge). Beim Rückenfettanteil ist er nicht signifikant.



**Schlachtkörpergewicht (kalt)****Schlachtkörperlänge bezogen auf das Schlachtkörpergewicht****Rückenfettanteil****Abb. 4.7: Schlachtleistungsmerkmale im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte).***Figure 4.7: Breeding group comparison for carcass traits (LS means)*

### 4.2.3 LS-Kreuzungsparameterschätzung für Schlachtleistungsmerkmale

Die Ergebnisse der Kreuzungsparameterschätzung, die in der Tabelle 4.13 und in der Abbildung 4.8 dargestellt sind, zeigen – wie bei den Gewichts- und Wachstumsmerkmalen nach dem Absetzen – das Vorherrschen individueller Linienunterschiede.

**Tab. 4.13: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Schlachtleistungsmerkmale.**  
*Table 4.13: LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for carcass traits*

Kreuzungsparameter	Schlachtkörpergewicht kalt <sup>1</sup> [g]		Schlachtkörperlänge / Schlachtkörpergewicht [cm/g*100]		Anteil Rückenfett am Schlachtkörpergewicht [%]	
LSM BB	280.5	S.E.	8.95	S.E.	0.52	S.E.
$g_{iD}$	<b>105.0</b>	11.7***	<b>-1.71</b>	0.23***	<b>0.19</b>	0.045***
$g_{iJAaa}$	<b>105.0</b>	11.7***	<b>-1.71</b>	0.23***	<b>0.19</b>	0.045***
$g_{iJAdd}$	<b>105.0</b>	11.7***	<b>-1.71</b>	0.23***	<b>0.19</b>	0.045***
$h_{iD}$	<b>15.6</b>	8.9+	-0.02	0.17	<b>-0.08</b>	0.034*
$d_{iJAaa}$	26.2	18.6	-0.24	0.35	-0.04	0.071
$d_{iJAdd}$	29.7	28.0	-0.31	0.52	-0.04	0.107
$r_{iD}$	-10.6	17.6	0.21	0.33	-0.04	0.067
$aa_{iJAaa}$	-21.3	35.2	0.43	0.66	-0.08	0.013
$dd_{iJAdd}$	-13.8	27.4	0.29	0.52	-0.04	0.104
$g_{mD}$	4.6	9.2	-0.20	0.17	-0.01	0.035
$g_{mJAaa}$	4.6	9.2	-0.20	0.17	-0.01	0.035
$g_{mJAdd}$	4.6	9.2	-0.20	0.17	-0.01	0.035
$h_{mD}$	8.5	11.1	-0.05	0.21	0.00	0.042
$d_{mJAaa}$	8.5	11.1	-0.05	0.21	0.00	0.042
$d_{mJAdd}$	8.9	12.9	-0.06	0.24	0.00	0.049

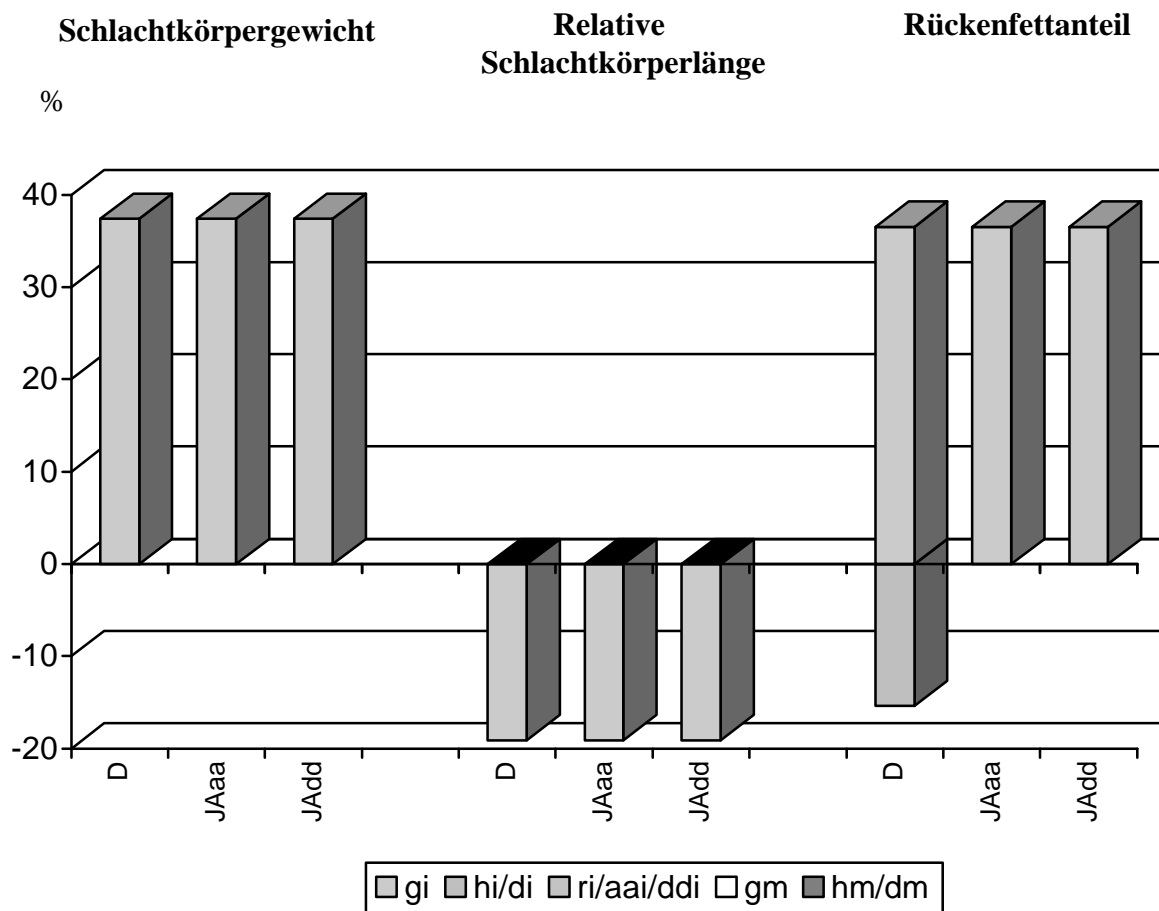
<sup>1)</sup> mit Haut

+:  $0.05 \leq p < 0.10$ ; \*:  $0.01 \leq p < 0.05$ ; \*\*:  $0.001 \leq p < 0.01$ ; \*\*\*:  $p < 0.001$

Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

Beim Schlachtkörpergewicht und der auf das Schlachtkörpergewicht bezogenen Schlachtkörperlänge sind die individuellen Liniendifferenzen die einzigen signifikanten Kreuzungseffekte. Beim Schlachtkörpergewicht sind sie positiv gerichtet, bei der relativen Schlachtkörperlänge negativ, mit einem Ausmaß von jeweils 37.4% bzw. -19.1%. Der Schätzwert für den individuellen Dominanzeffekte für das Schlachtkörpergewicht nach dem Dickerson-Modell von ca. 5.5% ist mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von über 8% ( $p=0.082$ ) und einem hohen Standardfehler recht unsicher.

Die individuellen Linienunterschiede für das auf das Schlachtkörpergewicht bezogene Rückenfett liegen bei 36.5%. An nicht-additiven Effekten erreicht nur nach dem Dickerson-Modell die individuelle Dominanz (-15%) ein Signifikanzniveau von unter 5%.



**Abb. 4.8: Kreuzungsparameter für Schlachtleistungsmerkmale in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.8: Crossbreeding parameter estimates in % of the LS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)

### 4.3 Reproduktionsleistung

#### 4.3.1 Verteilungsprofile

Die Verteilungen der verschiedenen Wurfgrößen-, Wurfgewichts- und Reproduktionsfrequenzmerkmale sind in der Abbildung 4.9 dargestellt.

Die Spannweite der Wurfgrößen reicht von 1 bis 6 (1. Wurf) bzw. bis 7 (2. Wurf) bei etwas höheren Mittelwerten und Standardabweichungen im 2. Wurf. Auch bei den Wurfgewichten, die bei der Geburt in beiden Würfen in etwa übereinstimmen, ist in der Folge im 2. Wurf eine Tendenz zu höheren Mittelwerten und Standardabweichungen zu verzeichnen. Während die Verteilungsprofile dieser Merkmale in beiden Würfen ein ähnliches Bild ergeben, bestehen deutliche Unterschiede zwischen dem des Erstlingswurfintervalls, der Zeit von der ersten Anpaarung bis zum 1. Wurf, und dem der Zwischenwurfzeit. Auf die Verteilung der einzelnen Merkmale wird im folgenden näher eingegangen.

Die Wurfgröße insgesamt bei der Geburt liegt bei durchschnittlich 2.79 Jungtieren (SD: 0.94) im 1. Wurf bzw. 2.82 (SD: 1.08) im zweiten, die Anzahl der lebend geborenen bei 2.71 (1. Wurf) bzw. 2.77 (2. Wurf). Von diesen Werten kann jedoch nicht auf die perinatale Mortalität geschlossen werden, da Gesamtverluste, d.h. Wurfgrößen von null hier nicht berücksichtigt sind. Diese belaufen sich in beiden Würfen auf ca. 1% der insgesamt erfassten Würfe. Die Wurfgröße drei bildet den Modalwert in beiden Würfen, wobei der Unterschied zur Häufigkeit von Zweierwürfen im 2. Wurf nur 3.7% bei den insgesamt geborenen bzw. 2.25% bei den lebend geborenen beträgt. Sowohl die Häufigkeit von Einzelwürfen (1. Wurf: 7.31-8.54%) als auch die von Wurfgrößen mit mehr als drei Jungtieren (1. Wurf: 21.72-18.78%) ist im 2. Wurf mit 9.50% (gesamt geborene) bis 9.97% (lebend geborene) bzw. 24.49-22.51% höher als im ersten.

Die durchschnittliche Wurfgröße beim Absetzen ist mit 2.57 Jungtieren im 1. Wurf (SD: 0.89) bzw. 2.61 im zweiten (SD: 1.01) in beiden Würfen um ca. 0.15 Jungtiere geringer als bei der Geburt (lebend geborene), wobei auch hier wiederum Gesamtverluste nicht berücksichtigt sind. Diese liegen in beiden Würfen bei ca. 4% der erfassten Würfe. Während im 2. Wurf die Wurfgröße zwei am häufigsten vorkommt, ist es im 1. Wurf immer noch die Wurfgröße drei.

Die Wurfgewichte stehen in erster Linie in Abhängigkeit von der Wurfgröße. Auch der Genotyp spielt bei den im Gewicht sehr unterschiedlichen Reinzuchtlinien eine bedeutende Rolle. Die Spannweite reicht beim Wurfgeburtsgewicht, bei dem nur lebend geborene Jungtiere erfasst sind, von unter 100 g bis ca. 700 g. Der Mittelwert liegt in beiden Würfen bei ca. 300 g; auch die Standardabweichungen befinden sich in beiden Würfen in derselben Größenordnung (1. Wurf: SD: 92.0 g, 2 Wurf: SD: 96.3 g).

Das Wurfgewicht beim Absetzen liegt mit durchschnittlich 495 g (1. Wurf; SD: 154.6 g) bzw. 511 g (2. Wurf, SD: 185.3 g) um ca. 65 bis 75% über dem des Wurfgeburtsgewichtes, wobei die Spannweite von ca. 100 g bis 1200 g reicht.

Die gemessenen Intervalle zwischen Anpaarungen und Wurf variieren zwischen 61 und 150 Tagen. Während das Intervall nach unten seine biologische Grenze in Form der Trächtigkeitsdauer hat, sind die Grenzen nach oben offen bzw. abhängig vom Zuchtmanagement. Unter intensiven Haltungsbedingungen werden die Tiere, die spätestens 2 Monate nach der Anpaarung keine Trächtigkeitsanzeichen haben, gemerzt (MONCAYO, 1991). In der vorliegenden Untersuchung wird bei der Analyse ein Intervall von maximal 105 Tagen berücksichtigt. In diesem sind über 96% der Erst- als auch Zweitwürfe berücksichtigt.

Bei beiden Intervallen ist ein steiler Anstieg in der Häufigkeit von 65 bis 70 Tagen zu beobach-

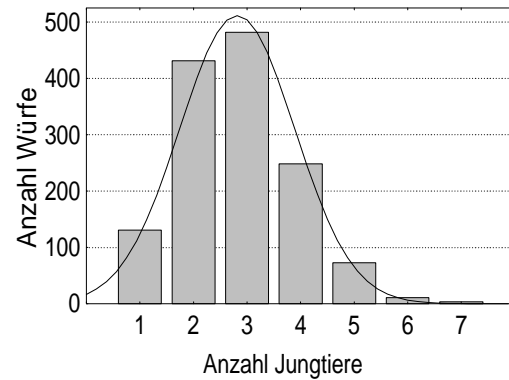
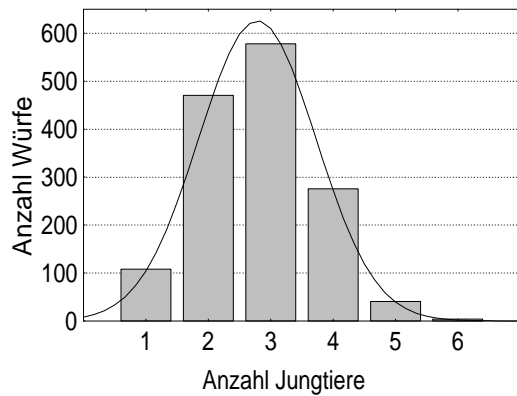
ten. Während der Abfall beim Erstlingswurfintervall relativ kontinuierlich verläuft, ist er bei der Zwischenwurfzeit ebenso steil wie der Anstieg. Danach ist ein erneuter Anstieg auf einem sehr niedrigen Niveau bis zum 85. Tag zu erkennen. Der anschließende Abfall ist sehr allmählich. Da diese zweite Verteilung um ca. 15-18 Tage gegenüber der ersten verschoben ist, ist es naheliegend, dass es sich hierbei um die Tiere handeln könnte, die erst beim zweiten Östrus post partum trächtig geworden sind. Beim ersten Wurf scheint der Kontakt zum Bock ausschlaggebend für die Östrusinduktion und anschließende Trächtigkeit zu sein; beim zweiten Wurf handelt es sich bei der ersten Verteilung um die erfolgreiche Paarung beim Post-partum-Östrus, bei der zweiten um die Paarung beim darauffolgenden Östrus, der vom inherenten Brunstzyklus der weiblichen Tiere bestimmt ist (sponante Ovulation), siehe hierzu auch Punkt 2.3.1.1. Im Durchschnitt ist die Zwischenwurfzeit mit 71.2 Tagen (SD: 8.7 Tage) um ca. 4 Tage kürzer als das Erstlingswurfintervall von 75.4 Tagen (SD: 6.5 Tage).

Bei der Anzahl Würfe pro Muttertier im ersten Produktionshalbjahr gibt es eine beträchtliche Anzahl von Zuchttieren (ca. 150), die insgesamt nur einen Wurf erbringen. Ihr Anteil liegt bei knapp 10%, wobei ungefähr die Hälfte davon auf die erhöhte Mortalität nach der Geburt des ersten Wurfs zurückgeführt werden kann (siehe Punkte 4.3.3 und 4.3.4). Für die Analyse der Anzahl Würfe pro Muttertier im ersten Produktionshalbjahr wurden nur Tiere mit insgesamt zwei Würfen berücksichtigt. Die Verteilung zeigt einen langsamen Anstieg von 1.6 bis 2.4 Würfen pro Mutter und Halbjahr, nimmt dann sprunghaft zu, wobei das Maximum mit 2.5 bis 2.6 Würfen erreicht wird, und fällt danach genauso steil wieder ab. Die obere Grenze der Spannweite wird durch die Trächtigkeitsdauer in den beiden Würfen bestimmt. Sie liegt mit 2.8 Würfen im ersten Produktionshalbjahr relativ nahe dem Verteilungsmaximum. Der Mittelwert von 2.46 Würfen pro Muttertier und Halbjahr (SD: 0.22) liegt um ca. 0.1 Würfe unter dem Modalwert von 2.58 Würfen.

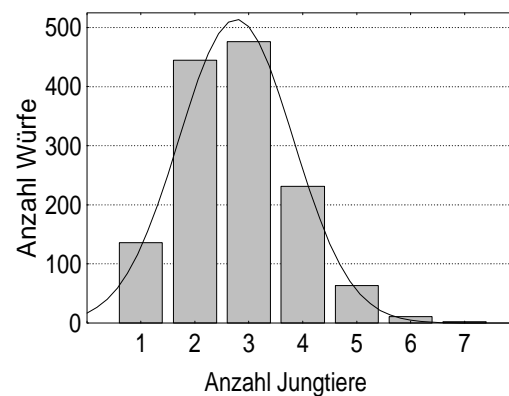
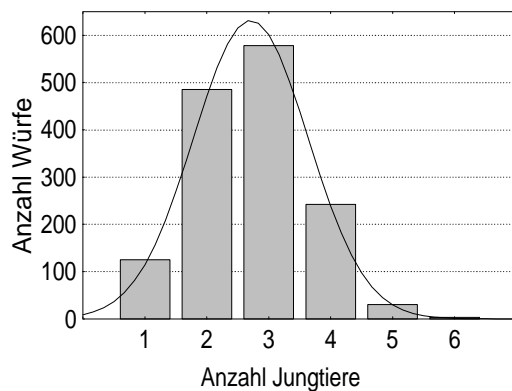
## 1. Wurf

## 2. Wurf

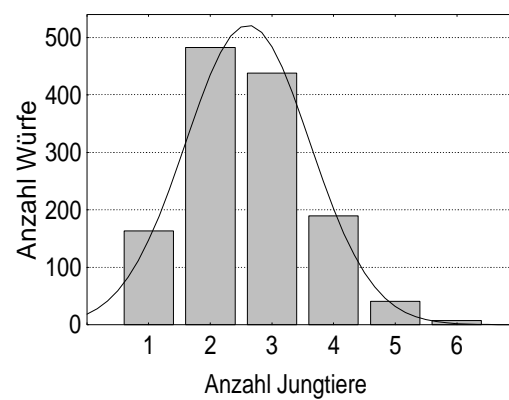
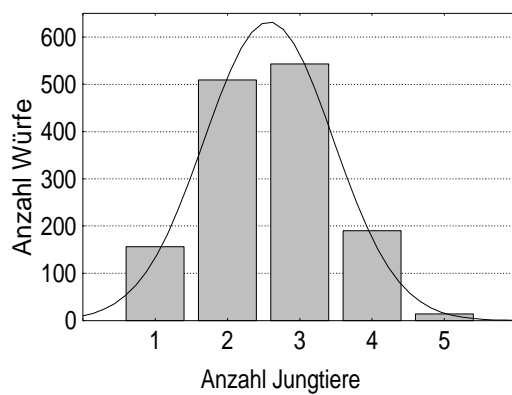
## Wurfgröße gesamt bei der Geburt

n: 1473  $\bar{x}$ : 2.79 S.D.: 0.94n: 1371  $\bar{x}$ : 2.82 S.D.: 1.08

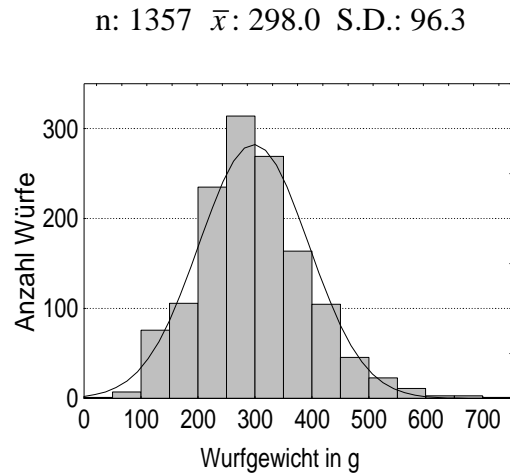
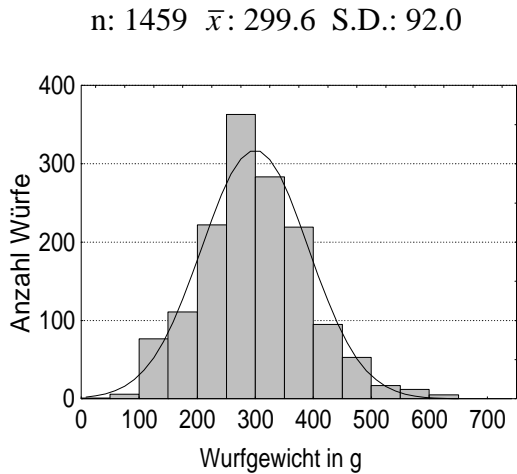
## Wurfgröße lebend bei der Geburt

n: 1459  $\bar{x}$ : 2.71 S.D.: 0.92n: 1357  $\bar{x}$ : 2.77 S.D.: 1.06

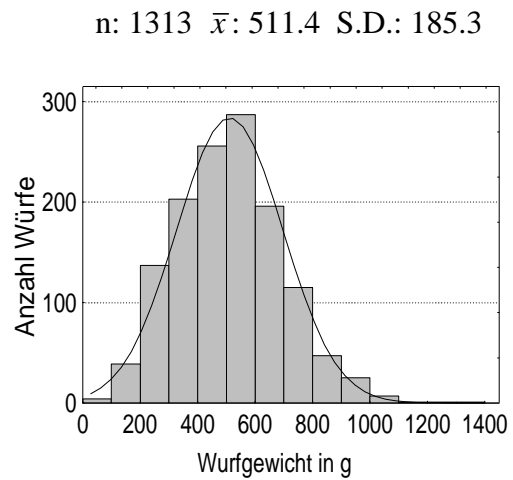
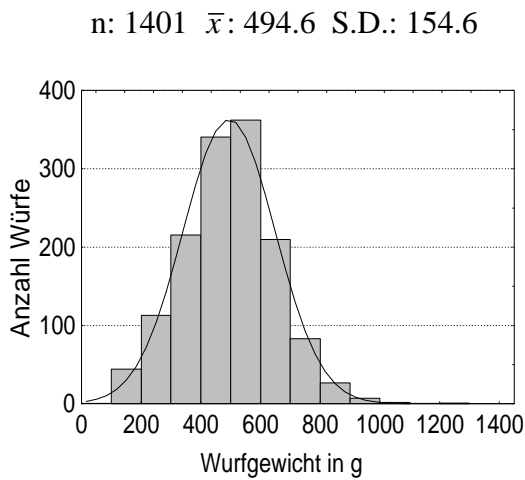
## Wurfgröße beim Absetzen (14. Tage post partum)

n: 1407  $\bar{x}$ : 2.57 S.D.: 0.89n: 1315  $\bar{x}$ : 2.61 S.D.: 1.01**Abb.4.9: Verteilungsprofile von Reproduktionsmerkmalen auf der Basis des Gesamtmaterials**

## Wurfgewicht bei der Geburt



Wurfgewicht beim Absetzen (14 Tage post partum)



Erstlingswurfintervall (bis 150 Tage)

Zwischenwurfzeit (bis 145 Tage)

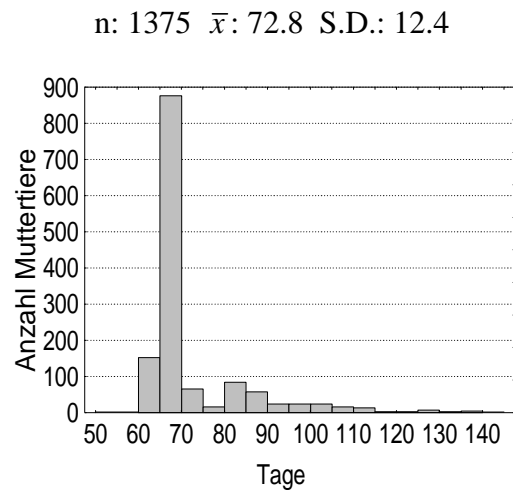
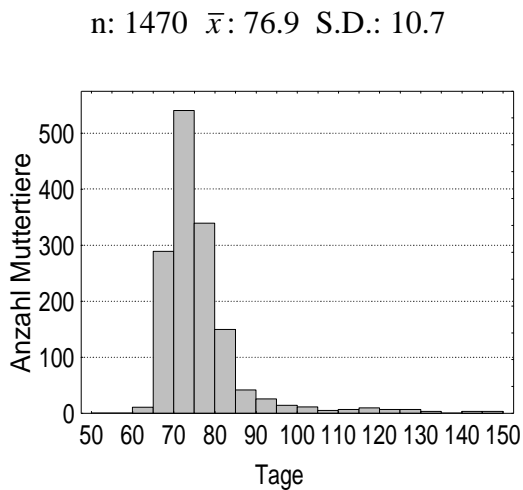


Abb.4.9: Fortsetzung

Erstlingswurfintervall (bis 105 Tage)

Zwischenwurfzeit (bis 105 Tage)

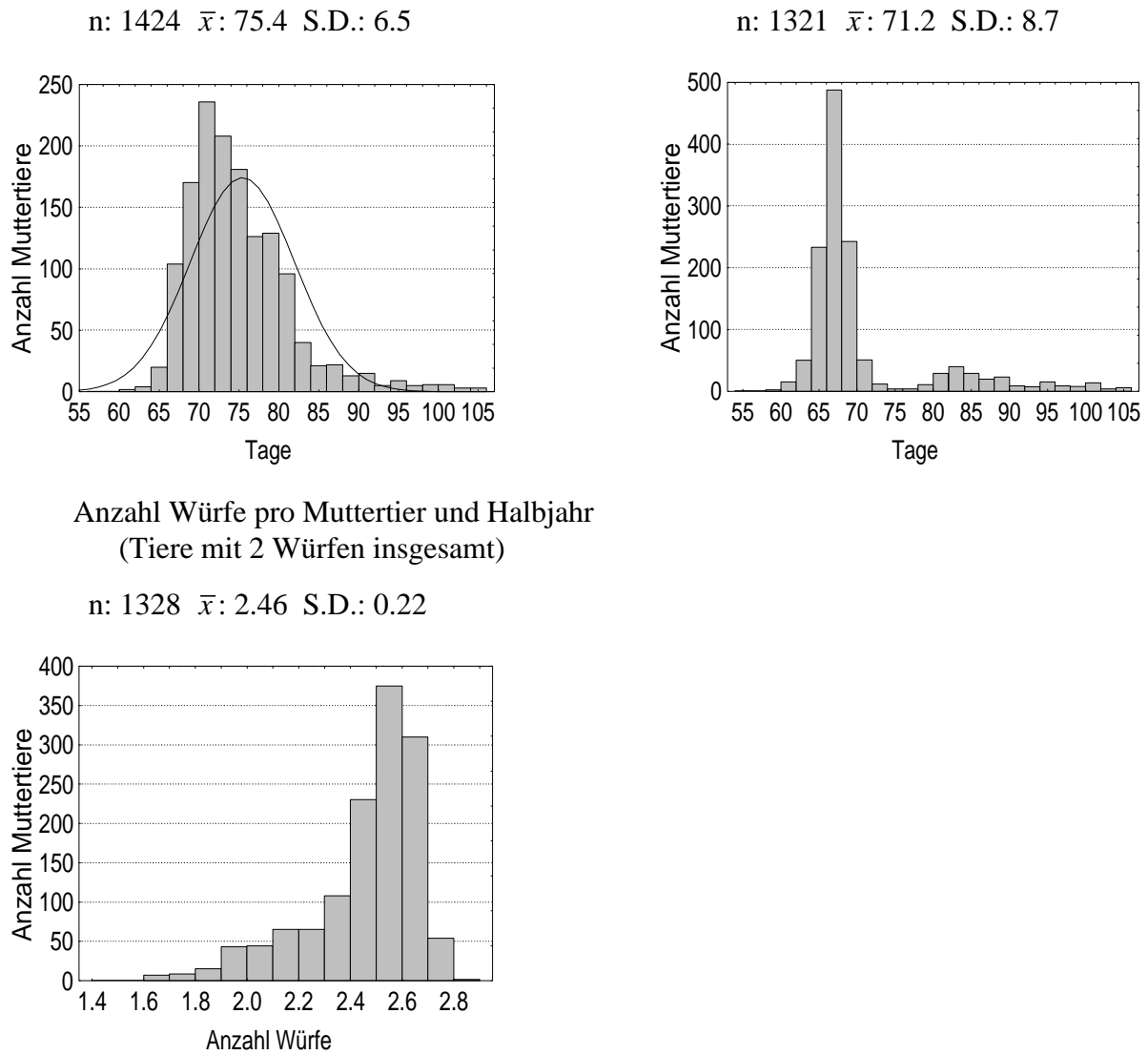


Abb.4.9: Fortsetzung



### 4.3.2 Kriterien der Reproduktionsfrequenz

Der Untersuchung der Reproduktionsfrequenz liegen in der folgenden Analyse nur 2 Würfe zu Grunde, so dass es sich dabei um die Zeit zwischen der ersten Anpaarung und dem 1. Wurf, dem Erstlingswurfintervall, und der Zeit zwischen dem 1. und dem 2. Wurf, der Zwischenwurfzeit, handelt. Diese beiden Intervalle werden im folgenden sowohl getrennt analysiert als auch gemeinsam in Form der Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr.

#### 4.3.2.1 *LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für das Erstlingswurfintervall, die Zwischenwurfzeit und die Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr*

Wie bei der Beschreibung der Verteilungsprofile bereits erwähnt, beschränkt sich die folgende Analyse auf Intervalle von maximal 105 Tagen. Bei knapp 4% der Tiere wurde ein längeres Intervall zwischen Paarung und Wurf beobachtet. Beim Erstlingswurfintervall sind davon 46 Tiere betroffen, die mit einer Ausnahme in Bezug auf den Stichprobenumfang auf die verschiedenen Zuchtgruppen gleichmäßig verteilt sind (0-8 pro Zuchtgruppe). Die Ausnahme bildet die Zuchtgruppe BBxPP, bei der 9 Tiere mit einem Erstlingswurfintervall zwischen 105 und 150 Tagen beobachtet wurden. Bei der Zwischenwurfzeit weisen insgesamt 49 Tiere ein Intervall zwischen 105 und 145 Tagen auf. Auch hier sind sie relativ gleichmäßig über die Zuchtgruppen verteilt. Auffallend ist, dass die in starkem Umfang vertretenen Synthetics nicht davon betroffen sind.

Die Wurfrequenz, d.h. die Anzahl Würfe pro Muttertier kann in einem längeren Zeitraum von größerer Bedeutung sein als die Wurfgröße. Sie ist bei der Berechnung der Gesamtproduktivitätskriterien in Form des Gesamtintervalles bereits mitberücksichtigt (siehe Punkt 3.4.2). Wie bereits bei den Verteilungsprofilen erwähnt, sind Mütter mit nur einem Wurf bei der Varianzanalyse nicht mitberücksichtigt. Es sind davon insgesamt 151 Tiere betroffen. Bei 13 davon konnte ein Spätabort nach der 1. Anpaarung beobachtet werden, der nicht als Wurf gezählt wird, mit einer daraufhin normal verlaufenden Trächtigkeit. Es handelt sich hierbei vornehmlich um Rotationstiere und Synthetics der Generation fünf (9). Ein äußerer Einfluss ist naheliegend, da um den Wurfzeitpunkt, der in die Regenperiode fiel, Dacharbeiten, ausgeführt werden mussten, die mit einem für die Tiere ungewohnten Lärm verbunden waren. Die anderen betroffenen Tiere gehören der bolivianischen (1) und der peruanischen Reinzuchtlinie (1) sowie der Rot1P (2) an.

Bei den meisten Tieren mit nur einem Wurf handelt es sich jedoch um Muttertiere, die nach der Geburt des 1. Wurfes nicht mehr trächtig wurden, sei es aus Fruchtbarkeitsgründen oder in Folge von Mortalität. Fast die Hälfte dieser Fälle beschränkt sich auf peruanische Reinzuchtmütter (62), danach folgen die bolivianischen (18). Die Rotationen (Rot1P: 13; Rot1B: 13) und Synthetics (9) der Generation 4 sind stärker betroffen als die der Generation 5 (Rot2P: 6; Rot2B: 4; SYN: 5). Bei F1-Müttern wurden 8 Fälle beobachtet.

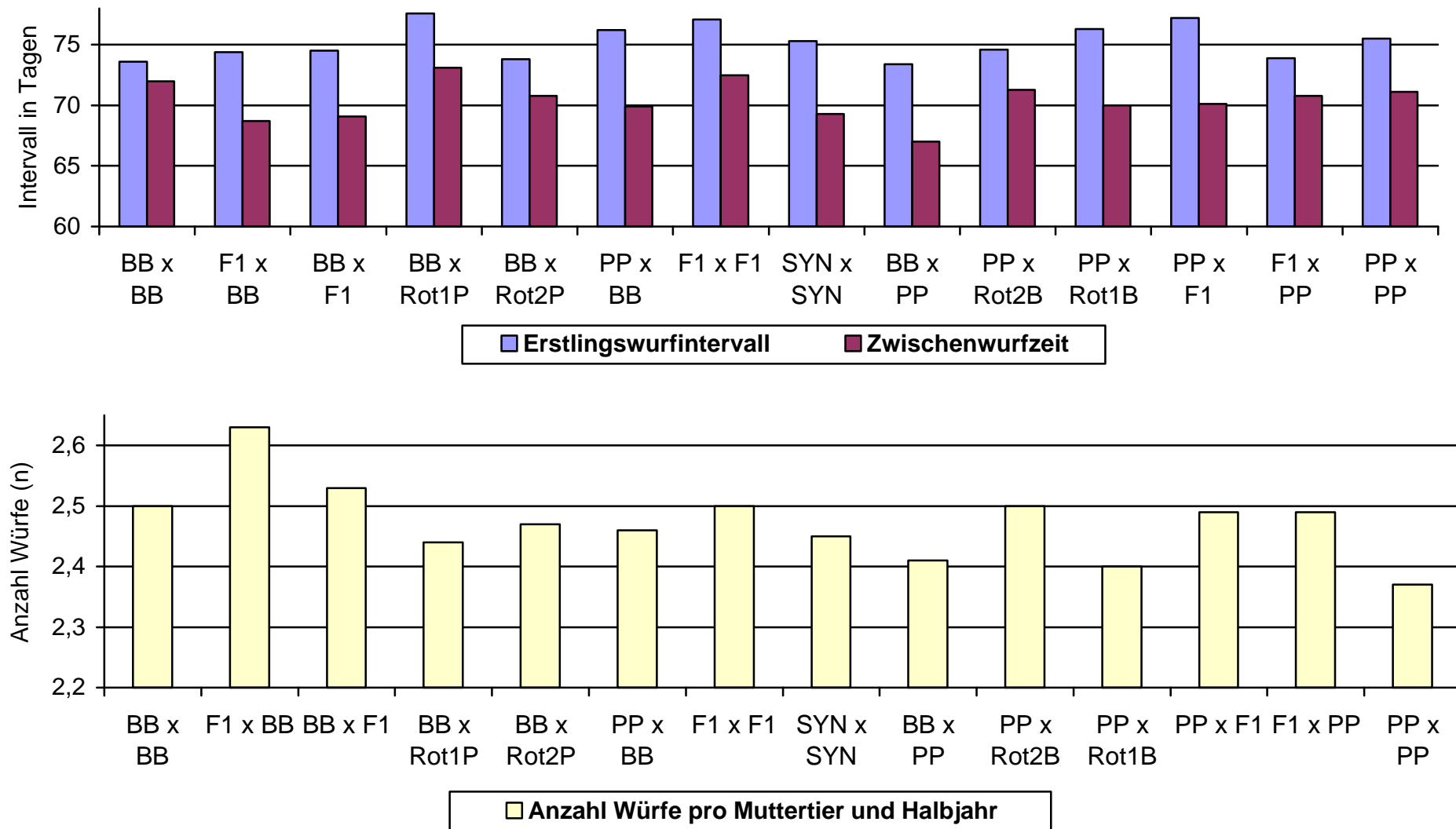
Ein Blick auf die Ergebnisse der Varianzanalyse (siehe Anhang Tab. A9) zeigt, dass die Intervallkriterien noch mehr als die Wurfgröße nicht kontrollierbaren Einflüssen unterliegen, wie durch das sehr niedrige Bestimmtheitsmaß (Erstlingswurfintervall: 6.8%; Zwischenwurfzeit: 5.95%; Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr: 5.2%) zum Ausdruck kommt. Sowohl der Effekt der Zuchtgruppe als auch der Effekt Anpaarungssaison sind signifikant. Die Ergebnisse der LS-Zuchtgruppenmittelwerte sind in der Tabelle 4.14 sowie in der Abbildung 4.10 dargestellt.

**Tab. 4.14: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Erstlingswurfintervall, Zwischenwurfzeit und Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr.**

Zucht-	Erstlingswurf-			Zwischenwurfzeit			Anzahl Würfe pro		
	LSM	S.E.		LSM	S.E.		LSM	S.E.	
BBxBB	73.6	0.9	Abc	72.0	1.2	cde	2.50	0.019	f
F1xBB	74.4	0.5	Abcd	68.7	0.9	ab	2.63	0.038	g
BBxF1	74.5	1.1	abcdf	69.1	1.5	abcd	2.53	0.036	ef
BBxRot1P	77.6	0.5	g	73.1	0.9	e	2.44	0.026	bcd
BBxRot2P	73.8	0.7	ad	70.8	1.1	abcde	2.47	0.029	cdef
PPxBB	76.2	0.9	deg	69.9	1.2	abcd	2.46	0.031	bcdef
F1xF1	77.1	0.7	fg	72.5	1.1	e	2.50	0.030	def
SYNxSYN	75.3	0.9	abcdef	69.3	1.2	abc	2.45	0.020	bcde
BBxPP	73.4	1.1	Ab	67.0	1.5	a	2.41	0.030	abc
PPxRot2B	74.6	0.8	Abcde	71.3	1.5	abcde	2.50	0.029	def
PPxRot1B	76.3	1.1	Cdeg	70.0	1.6	abcde	2.40	0.026	ab
PPxF1	77.2	1.0	Eg	70.1	1.5	abcde	2.49	0.037	bcdef
F1xPP	73.9	0.8	Abcd	70.8	1.5	abcde	2.49	0.037	bcdef
PPxPP	75.5	0.6	Bce	71.1	1.0	bcde	2.37	0.019	a

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ );  
 Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab. 3.3; Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal siehe  
 Tab. 3.20

Die Spannweite der LS-Zuchtgruppenmittelwerte für das Erstlingswurfintervall reicht von 73.4 Tagen (BBxPP) bis 77.6 Tagen (BBxRot1P), was einen Abstand von 0.65 Standardabweichungen bedeutet. Es ist keinerlei dem Genotyp entsprechende Tendenz festzustellen, weder hinsichtlich des Genotyps des weiblichen Zuchtieres, noch des Paarungspartners und auch nicht des gesamten Paarungstyps. Ob die Zuchtgruppenunterschiede genetischer Natur sind, kann in Frage gestellt werden. Insbesondere der deutliche Unterschied zwischen den sehr ähnlichen Zuchtgruppen BBxRot1P, die die obere Grenze der Spannweite bildet, und BBxRot2P, die sich durch eines der niedrigsten Intervalle (73.8 Tage) auszeichnet, ist genetisch nicht plausibel. Hinzu kommt der recht geringe Stichprobenumfang vor allem bei den Rückkreuzungsgruppen (siehe Tab.3.20). Das Zwischenwurfintervall liegt im Vergleich der Zuchtgruppen zwischen 67.0 Tagen (BBxPP) und 73.1 Tagen (BBxRot1P), wobei dieselben Zuchtgruppen wie beim Erstlingsintervall diese Grenzen bestimmen. Auch hier ist keinerlei Tendenz der Intervalllänge nach irgendeinem Genotyp oder Paarungstyp zu erkennen. Ein großer Teil der geschätzten Zuchtgruppenmittelwerte ist so ungenau, dass sie sich von keinen anderen unterscheiden. Auch hier ist es naheliegend, dass die statistischen Unterschiede zwischen den Zuchtgruppen nicht genetisch bedingt sind. Die Spannweite der LS-Zuchtgruppenmittelwerte für die Wurfzahl pro Muttertier im ersten Produktionshalbjahr reicht von 2.37 bis 2.63, wobei die peruanische Reinzuchtlinie die untere und die F1xBB die obere Grenze darstellen. Die Wurfrequenz von Zuchtgruppen mit bolivianischen Reinzuchtmüttern ist in der Tendenz höher als die von peruanischen Reinzuchtmüttern. Wie bei den Einzelintervallen sind einige statistische Unterschiede zwischen Zuchtgruppen genetisch nicht erklärbar, wie z.B. der zwischen PPxRot1B (2.40 Würfe) und PPxRot2B (2.50 Würfe). Auch ist der Stichprobenumfang, vor allem bei den Rückkreuzungsgruppen, zu gering, um sichere Aussagen treffen zu können.



**Abb. 4.10: Erstlingswurfintervall, Zwischenwurfzeit und Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte).** *Figure 4.10: Breeding group mean comparison for the interval between mating and first litter, the interval between litters and the number of litters per dam and half year (LS means)*

#### **4.3.2.2 LS-Kreuzungsparameterschätzung für das Erstlingswurfintervall, die Zwischenwurfzeit und die Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr**

Während nach der Analyse der Zuchtgruppenmittelwerte nicht von genetischen Unterschieden zwischen den Zuchtgruppen ausgegangen werden kann, weisen die Ergebnisse der Kreuzungsparameterschätzung eindeutig auf die Wirkung von Liniendifferenzen hin (siehe Tab.4.15 und Abbildung 4.11).

Beim Erstlingswurfintervall sind die Linienunterschiede auf der Nachkommenebene ( $g_{nk}$ ) von 5.2% nach allen drei genetischen Modellen hochsignifikant. Es kann davon ausgegangen werden, dass der Genotyp des Paarungspartners, der bei der Schätzung des Nachkommeneffektes mit enthalten ist ( $g_{nk} + 2g_{PA}$ , siehe Punkt 3.5.1.1), eine wichtige Rolle spielt. Dominanzeffekte, ebenfalls auf der Nachkommenebene, erreichen sowohl nach dem Dickerson- (-3%) als auch nach dem Jakubec-Modell (-4.2%) ein Signifikanzniveau von unter 5%. Das heißt, je heterozygoter die Nachkommen, bzw. je unterschiedlicher der Genotyp der beiden Paarungspartner, desto kürzer das Intervall.

Bei der Zwischenwurfzeit sind die Linienunterschiede von 3.1-3.5% sowohl auf der Nachkommen- als auch auf der individuellen Ebene signifikant. Es ist dementsprechend damit zu rechnen, dass sich das Intervall zwischen dem 1. und dem 2. Wurf mit zunehmendem peruanischen Genanteil der beiden Paarungspartner verlängert. Nicht-additive Effekte sind nicht nachzuweisen.

Die Kreuzungsparameter für die Wurfzahl entsprechen in etwa denen für die Zwischenwurfzeit, jedoch mit umgekehrtem Vorzeichen: Es sind deutliche Linienunterschiede auf individueller und auf der Nachkommenebene nachzuweisen. Sie liegen jeweils bei -2.8%. Das heißt, mit zunehmendem peruanischen Genanteil beider Paarungspartner verringert sich die Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr. Von den nicht-additiven Effekte erreichen nur positive Dominanz x Dominanz-Interaktionen eine Irrtumswahrscheinlichkeit von unter 10% ( $p=0.054$ ).

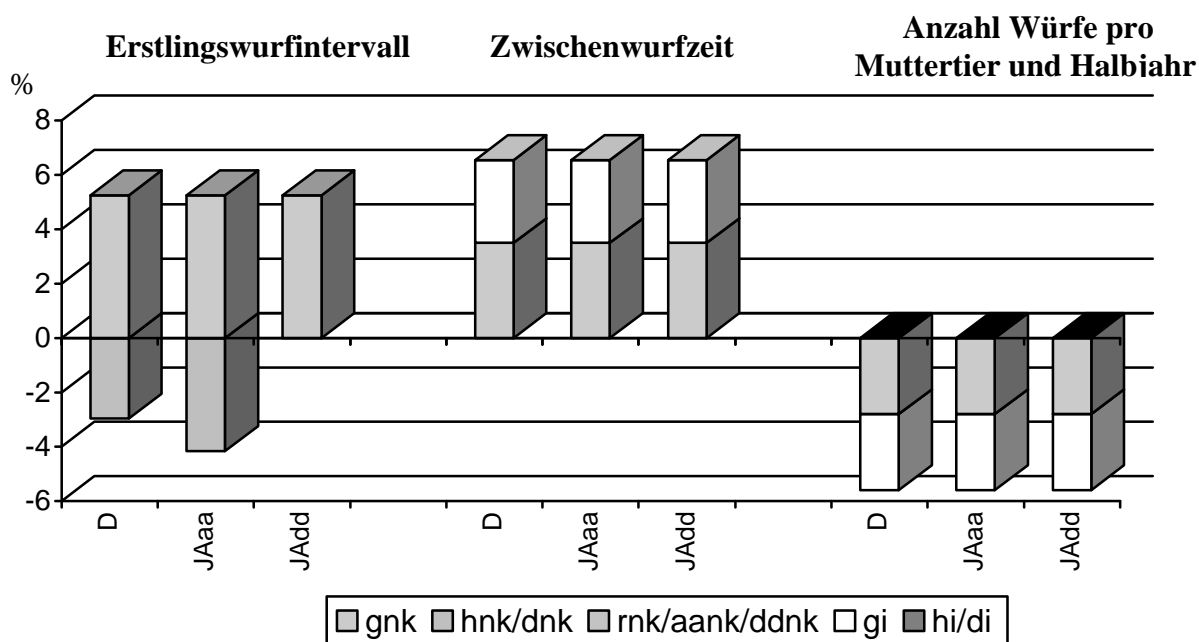
Den Ergebnissen zufolge sind für die Reproduktionsfrequenz die Genotypen beider Paarungspartner von Bedeutung. Es ist möglich, dass es einen genetischen Unterschied in der Trächtigkeitsdauer zwischen den beiden Reinzuchtlinien gibt (siehe Punkt 2.3.1.2). Die günstig gerichteten Dominanzeffekte beim Erstlingswurfintervall stehen im Widerspruch zu den negativ gerichteten Dominanzeffekten in der Wurfgröße, angesichts der Tatsache, dass sich die Trächtigkeitsdauer mit zunehmender Wurfgröße verkürzt. Andererseits können auch ungünstige Bedingungen zu einer leichten Verkürzung führen (siehe Punkt 2.3.1.2). Ob es sich bei diesem Effekt um ein Artefakt handelt oder nicht, kann abschließend nicht beurteilt werden.

**Tab. 4.15: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Erstlingswurfintervall, Zwischenwurfzeit und Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr.**

Kreuzungsparameter	Erstlingswurfintervall [Tage]		Zwischenwurfzeit [Tage]		Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr [n]	
LSM BBxBB	74.4	S.E.	68.7	S.E.	2.50	S.E.
$g_{nkD}$	<b>3.9</b>	0.8***	<b>2.4</b>	1.1*	<b>-0.07</b>	0.03*
$g_{nkJAaa}$	<b>3.9</b>	0.8***	<b>2.4</b>	1.1*	<b>-0.07</b>	0.03*
$g_{nkJAdd}$	<b>3.9</b>	0.8***	<b>2.4</b>	1.1*	<b>-0.07</b>	0.03*
$h_{nkD}$	<b>-2.2</b>	0.7**	-0.4	1.1	0.03	0.02
$d_{nkJAaa}$	<b>-3.1</b>	1.5*	0.7	2.1	-0.03	0.05
$d_{nkJAdd}$	-3.3	2.1	1.7	2.9	-0.10	0.07
$r_{nkD}$	0.9	1.3	-1.1	1.9	0.07	0.04
$aa_{nkJAaa}$	1.9	2.6	-2.2	3.8	0.13	0.09
$dd_{nkJAdd}$	1.1	1.9	-2.1	2.8	<b>0.13</b>	0.06+
$g_{iD}$	-0.5	0.7	<b>2.1</b>	1.0*	<b>-0.07</b>	0.02**
$g_{iJAaa}$	-0.5	0.7	<b>2.1</b>	1.0*	<b>-0.07</b>	0.02**
$g_{iJAdd}$	-0.5	0.7	<b>2.1</b>	1.0*	<b>-0.07</b>	0.02**
$h_{iD}$	0.1	0.7	0.8	0.9	-0.02	0.02
$d_{iJAaa}$	0.1	0.7	0.8	0.9	-0.02	0.02
$d_{iJAdd}$	0.2	0.7	0.9	1.0	-0.03	0.03

+:  $0.05 \leq p < 0.10$ ; \*:  $0.01 \leq p < 0.05$ ; \*\*:  $0.001 \leq p < 0.01$ ; \*\*\*:  $p < 0.001$ ;

Erläuterung der Kreuzungsparameter siehe Punkt 3.5



**Abb. 4.11: Kreuzungsparameter für Merkmale der Reproduktionsfrequenz in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie. Figure 4.11: Crossbreeding parameter estimates for reproduction frequency traits in % of the LS mean of the Bolivian line**

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd; (siehe Punkt 3.5)

### 4.3.3 Wurfrate

Die Wurfrate ist ein wichtiges Merkmal, das Aufschluss über das Fruchtbarkeitspotential der Herde gibt. Eine ausschließliche Beschränkung auf Reproduktionsparameter wie Wurfgröße oder Wurfgewicht, bei denen nur die Tiere berücksichtigt werden, die einen Wurf erbringen, könnte bei einer Gesamtbewertung irreführend sein. Die Untersuchung der Wurfrate muss sich auf Grund fehlender Informationen zur Generation 2 auf die Tiere der Generationen 4 und 5 beschränken. Die Ergebnisse dazu sind in den Tabellen 4.16 und 4.17 dargestellt.

Bei den Tieren, die keinen Wurf haben, kommen folgende Ursachen in Betracht:

- Mortalität der Zuchttiere zwischen Anpaarung und Wurf
- Infertilität
- Abort

**Tab. 4.16: Wurfrate im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.**

Zucht- Gruppe	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Wurfrate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Wurfrate [%] <sup>2</sup>
BBxBB	210	201	95.71	201	190	94.53
BBxRot1P	109	107	98.17	109	96	88.07
BBxRot2P	100	93	93.00	95	90	94.74
PPxBB	49	48	97.96	48	47	97.92
SYNxSYN	209	201	96.17	201	190	94.53
BBxPP	65	64	98.46	64	48	75.00
PPxRot2B	99	93	93.94	96	88	91.67
PPxRot1B	110	110	100.00	110	99	90.00
PPxPP	232	219	94.40	224	180	80.36
<i>Gesamt</i>	<i>1183</i>	<i>1136</i>	<i>96.03</i>	<i>1147</i>	<i>1028</i>	<i>89.55</i>

n1: Anzahl angepaarter weiblicher Zuchttiere; n2: Anzahl der weiblichen Zuchttiere mit Wurf;

<sup>1)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist nicht signifikant (p=0.16)

<sup>2)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant (p<0.0001)

Die Wurfrate nach der ersten Anpaarung variiert je nach Zuchtgruppe zwischen 93 und 100% und liegt im Durchschnitt bei ca. 96%. Ein Effekt der Zuchtgruppe kann nicht nachgewiesen werden (siehe Tab.4.16). Der signifikante jahreszeitlich bedingte Einfluss hingegen (Tab.4.17) scheint von größerer Bedeutung zu sein. Die Wurfrate der im Dezember 1992 bis Januar 1993 angepaarten Tiere ist mit ca. 93.8% deutlich niedriger als die der im April/Mai und Juni bis August 1992 angepaarten Tiere von 97.6 bzw. 98.6%.

Im zweiten Wurf spielen sowohl Zuchtgruppe als auch Jahr-Saison eine bedeutende Rolle. Der Anteil Tiere, die einen Wurf haben, ist mit insgesamt 89.6% um 6.5% niedriger als bei der ersten Anpaarung. Hierbei ist anzumerken, dass der Anpaarungszeitpunkt zum 2. Wurf dem Wurfdatum des 1. Wurfs entspricht, auf Grund des beim Meerschweinchen typischen Post-Partum-Östrus. Das heißt, die Anpaarung findet in einer Phase statt, in der das Muttertier besonders physisch beansprucht ist durch den Geburtsvorgang und die einsetzende Laktation und dementsprechend einen höheren Anspruch an Umweltbedingungen (Fütterung, Wasser, Platz, u.a.) stellt. Wenn der

Bedarf der Tiere in dieser Phase und bis zum Ende der Aufzucht des 1. Wurfes nicht gedeckt wird, muss mit einer Beeinträchtigung in der Fruchtbarkeit und / oder einer erhöhten Mortalität der weiblichen Zuchttiere gerechnet werden.

Die Zuchtgruppe mit der niedrigsten Wurfrate im 2. Wurf stellt mit 75% die Zuchtgruppe BBxPP dar, d.h. die peruanischen Weibchen, die mit bolivianischen Böcken angepaart wurden, während die reziproke Zuchtgruppe PPxBB, die zeitgleich (September/Okttober 1992) angepaart wurde, die höchste Wurfrate von ca. 98% aufweist. Auch der Unterschied zwischen der bolivianischen (94.5%) und der peruanischen Reinzuchtlinie (80.4%) ist mit fast 15% beträchtlich. Die Wurfrate der anderen Kreuzungsgruppen variieren zwischen 88.1 und 94.7%, wobei die jahreszeitlich bedingten Effekte nicht berücksichtigt sind.

**Tab. 4.17: Wurfraten im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf**

<b>Jahr / Monats-Klassen</b>	<b>1. Wurf</b>			<b>2. Wurf</b>		
	<b>n1</b>	<b>n2</b>	<b>Wurfrate [%]<sup>1</sup></b>	<b>n1</b>	<b>n2</b>	<b>Wurfrate [%]<sup>2</sup></b>
92/4-5	329	321	97.57	317	294	92.74
92/6-8	293	289	98.63	109	101	92.66
92/9-10				187	151	80.75
92/12-93/1	561	526	93.76			
93/2-3				277	263	94.95
93/4-5				258	219	84.88
<i>Gesamt</i>	<i>1182</i>	<i>1135</i>	<i>96.03</i>	<i>1147</i>	<i>1028</i>	<i>89.55</i>

n1: Anzahl angepaarter weiblicher Zuchttiere; n2: Anzahl der weiblichen Zuchttiere mit Wurf;

<sup>1)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0009$ )

<sup>2)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

Die Anpaarungssaisons mit den niedrigsten Wurfraten sind die Monate September/Okttober 1992 (80.75%) sowie April/Mai 1993 (84.9%). Wie auch aus der Tabelle 4.19 hervorgeht, handelt es sich hierbei um besonders kritische Zeiten, die mit einer hohen Zuchttiermortalität verbunden sind. Und es sind genau die Zeiten, in denen die Zuchtgruppe BBxPP bzw. ein großer Teil der peruanischen Reinzuchtlinie ihren 1. Wurf hatten. Die höchste Wurfrate im 2. Wurf erreichen mit ca. 95% die in den Monaten Februar und März 1993 angepaarten Tiere. Es handelt sich hierbei ausschließlich um die Kreuzungsmütter der Rotation 2 sowie um die Synthetics.

Insgesamt ist festzuhalten, dass die Variation in der Fertilität der weiblichen Tiere im 1. Wurf im wesentlichen durch Umwelteinflüsse bedingt ist, wobei genetische Unterschiede zwischen Zuchtgruppen kaum eine Rolle spielen dürften. Im 2. Wurf ist die Wurfrate der peruanischen Meerschweinchen unter den im Projekt Mejocuy gegebenen Umweltbedingungen im Vergleich zu den anderen Zuchtgruppen deutlich niedriger.

Die Fertilität der männlichen Zuchttiere liegt bei nahezu 100%. Im Untersuchungszeitraum 1992 bis 1993 wurde nur ein steriler Bock, bei dem es sich um ein peruanisches Reinzucht tier handelte, gefunden.

#### 4.3.4 Überlebensrate der Zuchttiere

Die Überlebensrate der Zuchttiere ist ebenso wie die Wurfrate ein Merkmal, das sich auf die

Herdenleistung bezieht und bei einer Gesamtbewertung unbedingt mitberücksichtigt werden muss. Sie kann Aufschluss über die Widerstandsfähigkeit bestimmter Genotypen geben bzw. Anregungen dazu, das Management so zu ändern, um den jeweiligen Tieren die größtmöglichen Überlebenschancen zu bieten. Da die genetische Gruppe des Paarungspartners keinen Einfluss auf den Gesundheitszustand des Zuchtweibchens haben dürfte, wird dieser beim Zuchtgruppenvergleich nicht mitberücksichtigt. Die Ergebnisse der Untersuchung sind in den Tabellen 4.18 und 4.19 dargestellt.

**Tab. 4.18: Überlebensrate der weiblichen Zuchttiere im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.**

Zucht-Gruppe	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Überlebensrate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Überlebensrate [%] <sup>2</sup>
BB	259	257	99.23	249	245	98.39
Rot2B	99	99	100.00	96	96	100.00
Rot1B	110	110	100.00	110	105	95.41
SYN	209	209	100.00	201	198	98.51
Rot1P	109	109	100.00	109	103	94.50
Rot2P	100	99	99.00	95	94	98.95
PP	297	290	97.64	288	259	89.93
<i>Gesamt</i>	<i>1183</i>	<i>1173</i>	<i>99.15</i>	<i>1148</i>	<i>1100</i>	<i>95.82</i>

n1: Anzahl angepaarter weiblicher Zuchttiere; n2: Anzahl der weiblichen Zuchttiere, die bis nach der Geburt des Wurfs überlebt haben;

<sup>1)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.03$ )

<sup>2)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

Die durchschnittliche Überlebensrate von der Anpaarung bis zur Geburt des 1. Wurfs liegt insgesamt bei über 99%. Im Vergleich der Zuchtgruppen ist sie bei den peruanischen Reinzuchtmüttern mit 97.6% am niedrigsten, bei den anderen liegt sie zwischen 99.2 und 100%. Der Effekt der Zuchtgruppe ist statistisch signifikant; ein jahreszeitlich bedingter Effekt hingegen ist nicht nachzuweisen.

Während der Phase nach der Geburt des 1. Wurfs bis zur Geburt des zweiten ist sowohl der Effekt der Zuchtgruppe als auch der Jahr-Monats-Effekt hochsignifikant. Die Überlebensrate ist mit ca. 96% um etwas über 3% niedriger als die bis zum 1. Wurf. Peruanische Reinzuchtmütter weisen - wie bis zum 1. Wurf - die niedrigste Überlebensrate, die bei ca. 90% liegt, auf. Es folgen darauf die Mütter der Rotation 1 (Rot1B, Rot1P) mit ca. 95%. Die bolivianischen Reinzuchtmütter sowie die der Rotation 2 haben mit 98.4 bis 100% die höchsten Überlebensraten. Die relativ niedrige Leistung der Mütter der Rotation 1 ist durch die ungünstigen Umweltbedingungen in den Monaten September/Okttober des Jahres 1992 zu erklären. Ein negativer Effekt des Genotyps auf die Überlebensrate unter den gegebenen Umweltbedingungen kommt nur bei den peruanischen Reinzuchtmüttern zum Ausdruck.

Wie bereits bei der Wurfrate, von der die Überlebensrate eine Komponente bildet, stellen die Monate September/Okttober 1992 sowie April/Mai 1993 die für die Tiere kritischste Phase mit den höchsten Mortalitäten dar.

Insgesamt betrachtet wird kein Unterschied in der Überlebensrate zwischen den Zuchtgruppen mit einem peruanischen Genanteil von unter 100% deutlich. Die Sterblichkeit der peruanischen Reinzuchtmütter ist unter den gegebenen Umweltbedingungen gegenüber den anderen Zucht-



gruppen erhöht. Kritische Umweltverhältnisse haben allgemein eine erhöhte Zuchttiermortalität zur Folge. Peruanische Reinzuchtmütter sind jedoch in besonders hohem Maße davon betroffen.

**Tab. 4.19: Überlebensraten der weiblichen Zuchttiere im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf.**

Jahr / Monats-Klassen	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Überlebens-rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Überlebens-rate [%] <sup>2</sup>
92/4-5	329	325	98.78	317	309	97.48
92/6-8	293	293	100.00	109	109	100.00
92/9-10				187	171	91.44
92/12-93/1	561	555	98.93			
93/2-3				277	276	99.64
93/4-5				258	235	91.09
<i>Gesamt</i>	1183	1173	99.15	1148	1100	95.82

n1: Anzahl angepaarter weiblicher Zuchttiere; n2: Anzahl der weiblichen Zuchttiere, die bis nach der Geburt des Wurfs überlebt haben;

<sup>1)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist nicht signifikant ( $p=0.19$ )

<sup>2)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p<0.0001$ )

Wie bei der Wurfrate sind auch die Überlebensraten männlicher Zuchttiere bei nahezu 100%. Im Untersuchungszeitraum 1992 bis 1993 starb ein Bock, der der Zuchtgruppe der Synthetics angehörte.

#### 4.3.5 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für die Wurfgrößen- und Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen

Bei den Einzelmerkmalen der Reproduktionsleistung kann die Wurfgröße beim Absetzen als das wichtigste Merkmal betrachtet werden. Sie ist in erster Linie durch das Muttertier, d.h. deren Reproduktions- und Aufzuchtvermögen bestimmt. Dabei ist nicht nur die Anzahl der Nachkommen von Bedeutung, sondern auch deren Gesundheitszustand. Die zuchtgruppenspezifische Gewichtszunahme der Jungtiere zwischen Geburt und Absetzen kann als ein wichtiges Kriterium dafür betrachtet werden. Die Überlebensrate nach dem Absetzen, hängt vorwiegend von den herrschenden Umweltbedingungen ab. Das Wurfgewicht steht in enger Beziehung zur Wurfgröße ( $r=0.73$ ), bei dem der Genotyp des Paarungspartners von der Geburt bis zum Mastende immer mehr an Bedeutung gewinnt.

##### 4.3.5.1 LS-Mittelwertvergleiche nach Zuchtgruppen für die Wurfgrößenentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen

Die Wurfgrößenentwicklung im Vergleich der Zuchtgruppen ist in der Tabelle 4.20 sowie in der Abbildung 4.12 dargestellt. In den Fällen, in denen der Zuchtgruppeneffekt die Signifikanzschwelle von über 5% überschreitet, wird auf einen Vergleich verzichtet. Bei den Rückkreuzungsgruppen ist anzumerken, dass diese auf einem sehr geringen Stichprobenumfang zwischen 40 und 50 Tieren beruhen (siehe Tab.3.20), was zu einer größeren Ungenauigkeit der Schätzwerte sowie zu einer höheren Wahrscheinlichkeit von Artefakten führen kann.

Die Ergebnisse der Varianzanalyse sind im Anhang (Tabelle A9a) dargestellt. Beim Bestimmtheitsmaß ist ein deutlicher Unterschied in der Größenordnung zwischen dem ersten und dem

zweiten Wurf zu erkennen: Im 1. Wurf variiert es zwischen 15.45% (Wurfgröße beim Absetzen) und 23.25% (Wurfgröße bei der Geburt insgesamt), beim zweiten zwischen 8.28 und 9.13%. Die Irrtumswahrscheinlichkeit für den Zuchtgruppeneffekt bewegt sich im 1. Wurf immer unter 5%. Beim 2. Wurf hingegen ist dies nur für die Wurfgröße insgesamt der Fall. Bei der Wurfgröße lebend und beim Absetzen liegt die Irrtumswahrscheinlichkeit bei jeweils 5.5 und 6.4%. Der Jahr-Saison-Effekt ist in beiden Würfen in allen Merkmalen signifikant und variiert je nach Wurfnummer und Merkmal zwischen 0.8 und 1.2 phänotypischen Standardabweichungen.

Die Zuchtgruppenmittelwerte für die Wurfgröße bei der Geburt variieren zwischen 2.39 und 3.02 Jungtieren im 1. Wurf und zwischen 2.56 und 3.03 im zweiten, d.h. die Spannweite liegt bei jeweils 0.67 bzw. 0.44 phänotypischen Standardabweichungen. Die Zuchtgruppen mit den höchsten Wurfgrößen sind im 1. Wurf die Synthetics (2.97 Jungtiere), die Rotationen 1 (PPxRot1B: 3.02; BBxRot1P: 2.96), die BBxRot2P (2.96) sowie die bolivianische Reinzuchtlinie (2.88 Nachkommen). Die niedrigsten Wurfgrößen haben die bolivianischen Reinzuchtmütter, die mit einem F1-Bock verpaart wurden, sowie die Anpaarungen zur reziproken F1 (BBxPP und PPxBB).

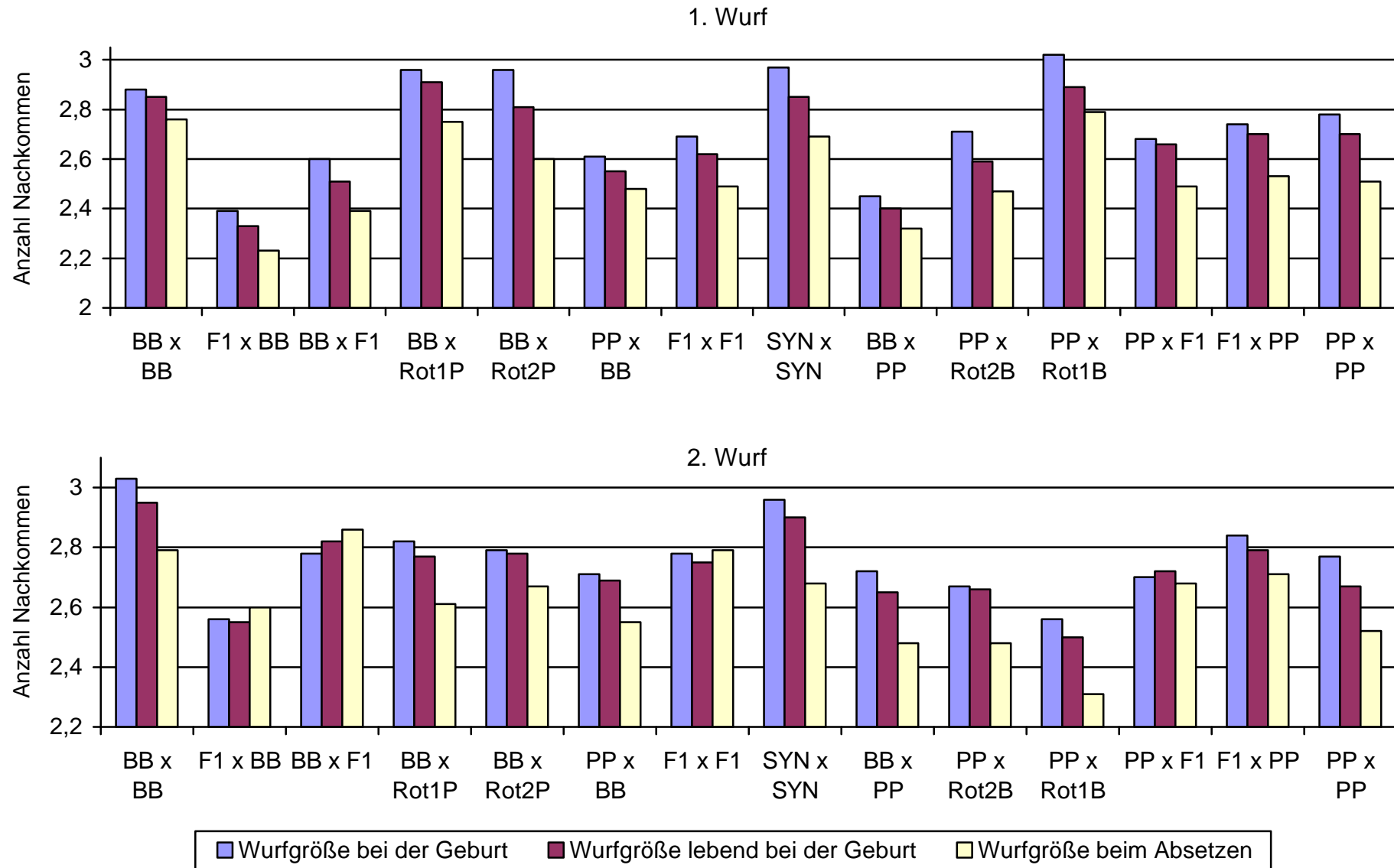
Im zweiten Wurf erreicht die bolivianische Reinzuchtlinie (3.03 Jungtiere) zusammen mit den Synthetics (2.96 Jungtiere) die höchsten Wurfgrößen, von denen sich jedoch nur wenige Zuchtgruppen signifikant unterscheiden. Zu diesen gehören die peruanische Reinzuchtlinie (2.77 Jungtiere), die Zuchtgruppe PPxRot1B mit 2.56 Nachkommen pro Wurf, die im 1. Wurf die höchste Wurfgröße aufwies, sowie bolivianische Reinzuchtmütter, die mit F1- (2.56 Jungtiere) oder peruanischen Reinzuchtböcken (2.71 Jungtiere) angepaart worden sind.

**Tab. 4.20: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Merkmale der Wurfgröße von der Geburt bis zum Absetzen.**

Zucht-Gruppe	Wurfgröße bei der Geburt		Wurfgröße lebend bei der Geburt		Wurfgröße beim Absetzen	
	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf
	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.
BBxBB	2.88 0.07 bcde	3.03 0.09 c	2.85 0.07 fg	2.95 0.09 c	2.76 0.07 df	2.79 0.09 c
F1xBB	2.39 0.15 a	2.56 0.19 ab	2.33 0.15 a	2.55 0.18 abc	2.23 0.15 a	2.60 0.18 abc
BBxF1	2.60 0.15 abcd	2.78 0.18 abc	2.51 0.15 abcde	2.82 0.18 abc	2.39 0.15 ab	2.86 0.17 bc
BBxRot1P	2.96 0.11 cde	2.82 0.12 abc	2.91 0.11 g	2.77 0.12 abc	2.75 0.11 bcdef	2.61 0.11 bc
BBxRot2P	2.96 0.12 de	2.79 0.16 abc	2.81 0.12 cdefg	2.78 0.16 abc	2.60 0.12 abcdef	2.67 0.15 abc
PPxBB	2.61 0.12 ab	2.71 0.14 ab	2.55 0.12 abc	2.69 0.14 abc	2.48 0.12 abcd	2.55 0.13 abc
F1xF1	2.69 0.12 abcde	2.78 0.15 abc	2.62 0.12 abcdefg	2.75 0.15 abc	2.49 0.12 abcdef	2.79 0.15 bc
SYNxSYN	2.97 0.08 e	2.96 0.10 bc	2.85 0.08 eg	2.90 0.10 bc	2.69 0.08 bcdef	2.68 0.09 bc
BBxPP	2.45 0.11 a	2.72 0.14 abc	2.40 0.11 ab	2.65 0.14 abc	2.32 0.11 a	2.48 0.13 ab
PPxRot2B	2.71 0.12 abc	2.67 0.16 abc	2.59 0.12 abcdf	2.66 0.16 abc	2.47 0.13 abcdef	2.48 0.16 abc
PPxRot1B	3.02 0.11 e	2.56 0.12 a	2.89 0.11 defg	2.50 0.12 a	2.79 0.11 ef	2.31 0.11 a
PPxF1	2.68 0.15 abcde	2.70 0.18 abc	2.66 0.15 abcdefg	2.72 0.18 abc	2.49 0.15 abcdef	2.68 0.17 abc
F1xPP	2.74 0.14 abcde	2.84 0.18 abc	2.70 0.14 bcdefg	2.79 0.18 abc	2.53 0.15 abcdef	2.71 0.17 abc
PPxPP	2.78 0.08 bcde	2.77 0.09 ab	2.70 0.08 cdefg	2.67 0.09 ab	2.51 0.08 abce	2.52 0.09 ab

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab. 3.3; Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal, siehe Tab. 3.20



**Abb. 4.12: Wurfgrößen von der Geburt bis zum Absetzen im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte).** *Figure 4.12: Breeding group comparison for litter size from birth to weaning (LS means)*

Da die Wurfgröße bei der Geburt im wesentlichen durch den Genotyp der Mutter bestimmt wird (WRIGHT, 1922b), sind die beschriebenen Ergebnisse für die Wurfgröße bei der Geburt insgesamt sehr widersprüchlich. Als Beispiel seien die bolivianischen Mütter genannt, die sowohl im ersten als auch im 2. Wurf bei der Verpaarung mit bolivianischen Böcken höchste Wurfgrößen erbringen, bei der Verpaarung mit peruanischen Böcken sich jedoch auf einem unteren Leistungsniveau befinden. Entsprechendes gilt für die weiblichen peruanischen Zuchttiere im 1. Wurf. Abgesehen von unkontrollierbaren Umwelt- oder Zufallseffekten bei diesen Zuchtgruppenunterschieden, ist zu vermuten, dass es bei der Verpaarung zwischen den in der Körpergröße stark unterschiedlichen Reinzuchtlinien bestimmte Probleme geben kann, die sich in einer erniedrigten Wurfgröße äußern.

Bei der Wurfgröße lebend sind bei der Analyse, wie bereits unter Punkt 4.2.1 erwähnt, Wurfgrößen von null nicht mitberücksichtigt. Die Rangfolge der Zuchtgruppen im 1. Wurf entspricht der der Wurfgröße insgesamt; im 2. Wurf ist der Zuchtgruppeneffekt nicht signifikant.

Informationen zu den Gesamtverlusten bei der Geburt liegen nur zu den Generationen 4 und 5 vor. Ob es sich dabei um Totgeburten, bei oder kurz nach der Geburt gestorbene Tiere handelt, konnte nicht untersucht werden. Es wurden sowohl im ersten als auch im 2. Wurf jeweils 14 Würfe mit Gesamtverlusten festgestellt. Beim 1. Wurf handelt es sich dabei hauptsächlich um Drillingswürfe (6), außerdem um jeweils drei Zweier- und Vierer-Würfe sowie um einen Einlingswurf. Die betroffenen weiblichen Zuchttiere gehören den Zuchtgruppen PP (5), SYN (4), BB (2), Rot2P (2) und Rot2B (1) an. Beim 2. Wurf sind es vor allem Einlingswürfe, die tot geboren werden oder bei der Geburt sterben (9). Gesamtverluste bei Zweier- (2) und Dreier-Würfen (3) sind seltener. Die betroffenen Zuchtgruppen sind dieselben wie im 1. Wurf mit jeweils 2 bis 6 Würfen ohne lebende Jungtiere (SYN: 6; PP:3; Rot2B: 3; BB: 2).

**Tab. 4.21: Perinatale Mortalität (inkl. Totgeburtenrate) im Vergleich der Zuchtgruppen im 1. und 2. Wurf.**

Zucht- Gruppe	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Mortalitäts- rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Mortalitäts- rate [%] <sup>2</sup>
BBxBB	612	19	3.10	559	18	3.22
BBxRot1P	294	0	0.00	134	3	2.24
BBxRot2P	311	22	7.07	497	20	4.02
PPxBB	105	1	0.95	195	9	4.62
SYNxSYN	607	32	5.27	251	4	1.59
BBxPP	131	0	0.00	214	3	1.40
PPxRot2B	284	15	5.28	269	3	1.12
PPxRot1B	308	8	2.60	136	1	0.74
PPxPP	637	40	6.28	522	26	4.98
<i>Gesamt</i>	<i>3289</i>	<i>137</i>	<i>4.17</i>	<i>2777</i>	<i>87</i>	<i>3.13</i>

n1: Anzahl geborener Jungtiere; n2: Anzahl lebend geborener Jungtiere;

<sup>1)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

<sup>2)</sup> Effekt Zuchtgruppe ist signifikant ( $p < 0.02$ )

Der Anteil tot geborener bzw. bei der Geburt gestorbenen Tiere insgesamt liegt im 1. Wurf bei ca. 4.2% im zweiten bei ca. 3.1% (siehe Tab. 4.20 und 4.21). Die beiden Effekte Zuchtgruppe und Jahr-Saison sind bei der getrennten Analyse in beiden Würfen signifikant. Es ist jedoch

möglich, dass die Signifikanz beim Zuchtgruppeneffekt auf jahreszeitlich bedingten Effekten beruht, die nicht gleichzeitig berücksichtigt werden können. Das umgekehrte gilt für den Jahr-Saison-Effekt.

**Tab. 4.22: Perinatale Mortalität (inkl. Totgeburtenrate) im Vergleich der Jahr-Saison-Monats-Klassen im 1. und 2. Wurf.**

Jahr / Monats-Klassen	1. Wurf			2. Wurf		
	n1	n2	Mortalitäts-rate [%] <sup>1</sup>	n1	n2	Mortalitäts-rate [%] <sup>2</sup>
92/5	417	8	1.92			
92/6-8	672	17	2.53	360	7	1.94
92/9-12	485	6	1.24	1196	23	1.92
93/2-3	1206	75	6.22	584	23	3.94
93/4-5	509	31	6.09			
93/6-8				637	34	5.34
<i>Gesamt</i>	<i>3289</i>	<i>137</i>	<i>4.17</i>	<i>2777</i>	<i>87</i>	<i>3.13</i>

n1: Anzahl geborener Jungtiere; n2: Anzahl lebend geborener Jungtiere;

<sup>1)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

<sup>2)</sup> Effekt Jahr-Saison-Monat ist signifikant ( $p < 0.0001$ )

Die Totalverluste beim Absetzen, die in der Varianzanalyse nicht berücksichtigt werden, sind - ausgehend von der Wurfgröße lebend - mit insgesamt 44 Wurfgrößen von null im 1. Wurf und 41 im zweiten deutlich höher als die perinatalen (inkl. Totgeburten), wobei diese gleichmäßig über alle Wurfgrößen verteilt sind. Bei den Totalverlusten im 1. Wurf ist vor allem die peruanische Reinzuchtlinie mit insgesamt 25 Würfen, in denen kein Jungtier bis zum Absetzen überlebt hat, betroffen. Dies steht in direktem Zusammenhang mit der bakteriellen Infektionskrankheit im April/Mai 1993, von der bei den ausgewerteten Daten insbesondere die peruanische Reinzuchtlinie betroffen war (siehe auch Punkt 4.1.3.3). Bei den anderen Zuchtgruppen verlieren nur 1 bis 3 Mütter alle Jungtiere bis zum Absetzen. Im 2. Wurf sind die Gesamtverluste insgesamt zwar ungefähr so hoch wie im ersten, jedoch ist die Anzahl der Totalverluste bei der peruanischen Reinzuchtlinie (9) deutlich niedriger, bei den anderen Zuchtgruppen mit (1 bis 5) höher.

Auf Grund der unterschiedlichen Aufzuchtverluste ergibt sich bei der Wurfgröße beim Absetzen im 1. Wurf eine geringfügige Verschiebung in der Rangfolge verglichen mit der Wurfgröße bei der Geburt. Während die Peruanische Reinzuchtlinie zuvor einen oberen Rang einnahm, unterscheidet sie sich in der Wurfgröße beim Absetzen signifikant von der bolivianischen Reinzuchtlinie, was auch durch die oben erwähnte Krankheit bedingt sein kann. Von den sonstigen Zuchtgruppen der oberen Ränge, den Rotationen-1 und der Synthetics, die sich ihrerseits nicht signifikant von BBxBB unterscheiden, jedoch von den Zuchtgruppen mit den niedrigsten Wurfgrößen (F1xBB, PPxBB, BBxPP), hebt sich die peruanische Reinzuchtlinie nicht ab.

#### **4.3.5.2 LS-Kreuzungsparameterschätzung für die Wurfgrößenentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen**

Bei den geschätzten Kreuzungsparametern, die in der Tabelle 4.23 sowie in der Abbildung 4.13 dargestellt sind, erreichen nur Kreuzungseffekte auf der Nachkommenebene ein Signifikanzniveau von unter 5%. Im ersten Wurf sind es negative Dominanzeffekte, im zweiten vornehmlich die ebenfalls negative Liniendifferenz.

Bei der Wurfgröße bei der Geburt (insgesamt und lebend) sind die negativ gerichteten Dominanzeffekte im 1. Wurf nach allen drei genetischen Modellen signifikant. Ihr Ausmaß variiert je nach genetischem Modell von -12.5% (Dickerson-Modell) bis ca. -23% (Jakubec-Modell dd) des LS-Schätzwertes für die bolivianische Reinzuchtlinie. Im 2. Wurf sind deutliche Linienunterschiede auf der Nachkommenebene von -12.2 bis -12.5% festzustellen. Dominanzeffekte - ebenfalls negativ gerichtet - erreichen nur nach dem Jakubec-Modell aa (-19.8%) ein Signifikanzniveau von unter 5%, nach dem Dickerson-Modell (-7.3%) und dem Jakubec-Modell dd (-21.8%) liegen sie mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit zwischen 5 und 6% an der Signifikanzschwelle. Rekombinationsverluste sowie Additiv x Additiv-Interaktionen sind mit einem hohen Standardfehler behaftet und mit einer relativ hohen Irrtumswahrscheinlichkeit von 8.5%.

Bei der Wurfgröße beim Absetzen sind im 1. Wurf negative Dominanzeffekte von ca. -12% nur nach dem Dickerson-Modell signifikant. Im 2. Wurf haben die Linienunterschiede auf der Nachkommenebene von ca. -14.0% gegenüber der Wurfgröße bei der Geburt leicht zugenommen. Von den nicht-additiven Effekten erreichen lediglich Dominanzeffekte nach dem Jakubec-Modell aa ein Signifikanzniveau von ca. 6%.

Von Bedeutung scheinen nur die negativen Dominanzeffekte insbesondere im 1. Wurf sowie die negativen Linienunterschiede im 2. Wurf, jeweils auf der Nachkommenebene, zu sein, wenn sie nicht auf Artefakten beruhen. Negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene bedeuten praktisch, dass die Wurfgröße mit zunehmender Heterozygotie der Nachkommen, bzw. mit zunehmendem entgegengesetzten Genanteil des Paarungspartners abnimmt. Von Heterosis im Sinne des Wortes kann daher keine Rede sein. Es wäre denkbar, daß je unterschiedlicher die Körpergröße zwischen den Paarungspartnern ist, desto größer die Schwierigkeiten bei der Anpaarung und damit in Verbindung desto niedriger die Ovulations- und / oder Befruchtungsrate.

Die im 2. Wurf hinzukommenden negativen Linienunterschiede auf der Nachkommenebene besagen, dass je größer der peruanische Genanteil der Jungtiere ist, desto niedriger die Wurfgröße. Dabei ist der Beitrag von beiden Elternteilen von Bedeutung, d.h. insbesondere bei der peruianischen Reinzuchtlinie ist im 2. Wurf mit einer gegenüber den anderen Zuchtgruppen verringerten Wurfgröße bereits bei der Geburt und in stärkerem Maße beim Absetzen unter den gegebenen Umweltbedingungen zu rechnen.

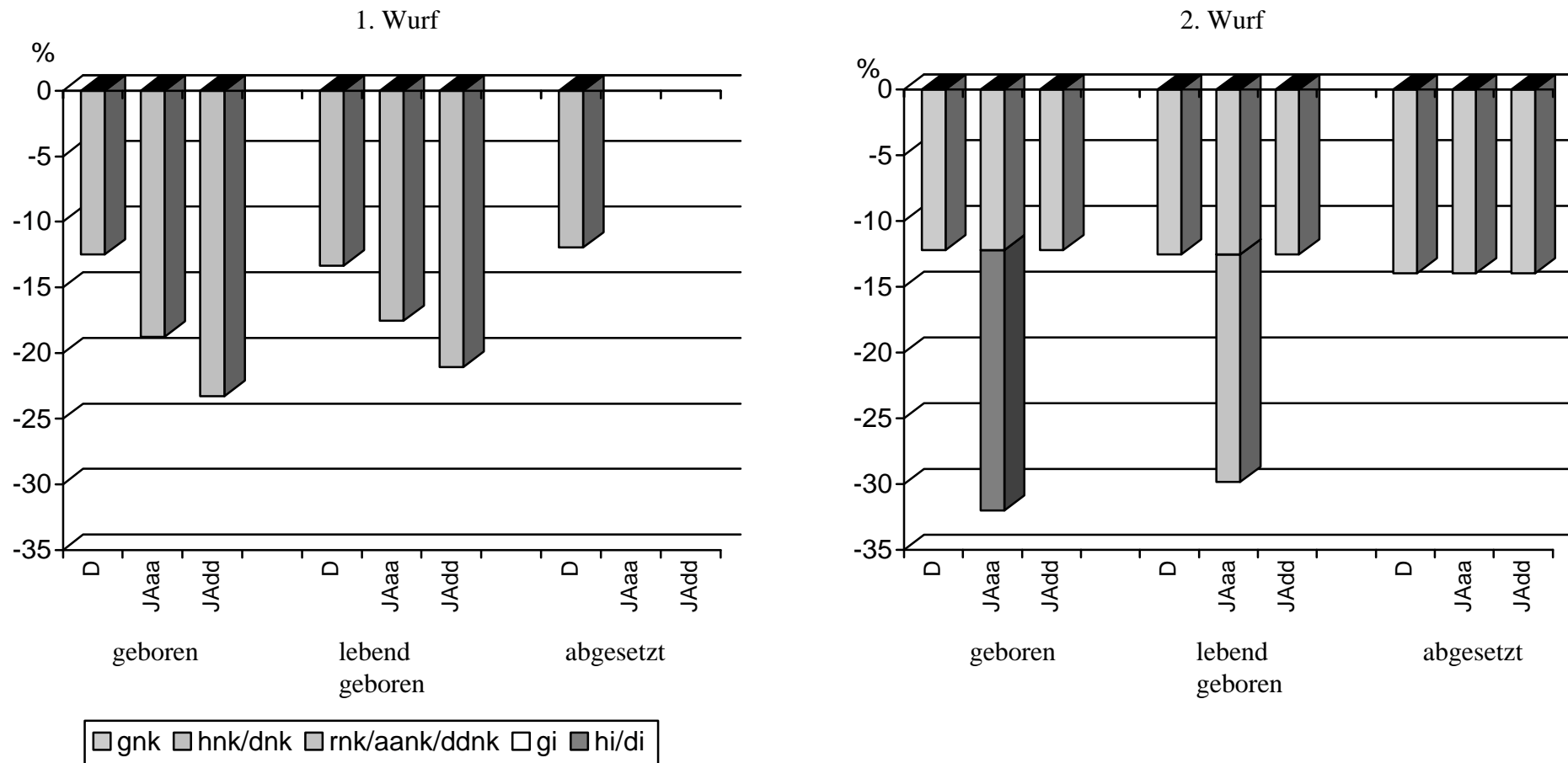
Tab. 4.23: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler die Wurfgröße von der Geburt bis zum Absetzen.

Kreuzungs- Parameter	Wurfgröße bei der Geburt		Wurfgröße lebend bei der Geburt		Wurfgröße beim Absetzen	
	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf
LSM BBxBB	2.88 S.E.	3.03 S.E.	2.85 S.E.	2.95 S.E.	2.76 S.E.	2.79 S.E.
g <sub>nkD</sub>	-0.06 0.11	<b>-0.37</b> 0.13**	-0.10 0.11	<b>-0.37</b> 0.13**	-0.11 0.11	<b>-0.39</b> 0.13**
g <sub>nkJAaa</sub>	-0.06 0.11	<b>-0.37</b> 0.13**	-0.10 0.11	<b>-0.37</b> 0.13**	-0.09 0.11	<b>-0.39</b> 0.13**
g <sub>nkJAdd</sub>	-0.06 0.11	<b>-0.37</b> 0.13**	-0.10 0.11	<b>-0.37</b> 0.13**	-0.11 0.11	<b>-0.39</b> 0.13**
h <sub>nkD</sub>	<b>-0.36</b> 0.12**	<b>-0.22</b> 0.11+	<b>-0.38</b> 0.12**	-0.17 0.11	<b>-0.33</b> 0.12**	-0.18 0.11
d <sub>nkJAaa</sub>	<b>-0.54</b> 0.20**	<b>-0.60</b> 0.25*	<b>-0.50</b> 0.20*	<b>-0.51</b> 0.25*	-0.22 0.20	<b>-0.44</b> 0.24+
d <sub>nkJAdd</sub>	<b>-0.67</b> 0.27*	<b>-0.66</b> 0.34+	<b>-0.60</b> 0.27*	-0.56 0.34	-0.45 0.27	-0.49 0.33
r <sub>nkD</sub>	0.18 0.18	<b>0.38</b> 0.22+	0.13 0.18	0.33 0.22	0.07 0.18	0.27 0.21
aa <sub>nkJAaa</sub>	0.37 0.36	<b>0.76</b> 0.44+	0.25 0.36	0.67 0.44	-0.26 0.37	0.53 0.43
dd <sub>nkJAdd</sub>	0.31 0.26	0.43 0.32	0.22 0.26	0.38 0.32	0.12 0.26	0.30 0.31
g <sub>iD</sub>	0.02 0.09	0.14 0.12	0.02 0.09	0.12 0.12	-0.05 0.09	0.13 0.11
g <sub>iJAaa</sub>	0.02 0.09	0.12 0.12	0.02 0.09	0.12 0.12	-0.09 0.09	0.13 0.11
g <sub>iJAdd</sub>	0.02 0.09	0.14 0.12	0.02 0.09	0.12 0.12	-0.05 0.09	0.13 0.11
h <sub>iD</sub>	0.14 0.08	-0.13 0.11	0.13 0.09	-0.09 0.11	0.11 0.09	-0.02 0.10
d <sub>iJAaa</sub>	0.14 0.09	-0.09 0.11	0.13 0.09	-0.09 0.11	<b>0.16</b> 0.09+	-0.02 0.10
d <sub>iJAdd</sub>	0.12 0.09	-0.13 0.12	0.11 0.09	-0.08 0.12	0.10 0.09	-0.01 0.11

+: 0.05 ≤ p &lt; 0.10; \*: 0.01 ≤ p &lt; 0.05; \*\*: 0.001 ≤ p &lt; 0.01; \*\*\*: p &lt; 0.001; Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5



## Wurfgröße von der Geburt bis zum Absetzen



**Abb. 4.13: Kreuzungsparameter für die Wurfgrößen von der Geburt bis zum Absetzen in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.13: Crossbreeding parameter estimates for litter size from birth to weaning in % of the LS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)

#### **4.3.5.3 LS-Mittelwertsvergleiche nach Zuchtgruppen für die Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen**

Bei den Wurfgewichten spielen sowohl die Wurfgröße als auch das individuelle Jungtiergewicht eine wichtige Rolle, die je nach Zuchtgruppe und Umweltbedingungen stark variieren können. Wurfgewichte von null wurden bei der Analyse nicht mitberücksichtigt. Die Anzahl der Gesamtverluste, hier der Wurfgewichte von null, wurde bereits bei den Wurfgrößen beschrieben. Dabei sind im 1. Wurf, insbesondere bei der Geburt und beim Absetzen, Tiere der peruanischen Reinzuchtlinie betroffen, die einem erhöhten Krankheitsdruck ausgesetzt waren. Die Ergebnisse der Zuchtgruppenmittelwertvergleiche sind in der Tabelle 4.24 sowie in der Abbildung 4.14 dargestellt.

Nach den Ergebnissen der Varianzanalyse (siehe Anhang Tabelle A9a) sind sowohl der Zuchtgruppen- als auch der Jahr-Saison-Effekt in beiden Würfen vom Wurfgewicht bei der Geburt bis zum Absetzen hochsignifikant. Das Ausmaß des Zuchtgruppeneffekts gemessen in phänotypischen Standardabweichungen variiert im 1. Wurf zwischen 1.1 und 1.35 SD, im zweiten ist es mit 0.9 bis 1.1 SD etwas niedriger. Die Spannweite zwischen günstigster und ungünstigster Jahreszeit ist mit 1.1 SD im 1. Wurf beim Wurfgeburtsgewicht am höchsten und im 2. Wurf mit 0.7 SD im selben Merkmal am niedrigsten.

Das Bestimmtheitsmaß im 1. Wurf, das von 23.5% beim Wurfgeburtsgewicht auf 12.2% beim Wurfgewicht beim Absetzen abnimmt, entspricht in etwa dem der Wurfgröße. Im 2. Wurf ist es beim Wurfabsetzgewicht (23.2%) am höchsten, beim Wurfgewicht bei der Geburt liegt es bei 19.2% und ist damit mehr als doppelt so hoch wie bei der entsprechenden Analyse der Wurfgröße.

Bei den LS-Zuchtgruppenmittelwerte ist in beiden Würfen die Tendenz zu höheren Wurfgewichten mit zunehmendem peruanischen Genanteil der Muttertiere zu erkennen.

Beim Wurfgewicht bei der Geburt nehmen im 1. Wurf die mit F1-Böcken verpaarten bolivianischen Zuchtweibchen (F1xBB) den untersten Rang von 231 g ein. Auf gleicher Ebene liegen nur noch die dazu reziproke Anpaarung BBxF1 (264 g), PPxBB (267 g) sowie PPxRot2B (270 g). Die höchsten Wurfgewichte (355 g) werden von der peruanischen Reinzuchtlinie erreicht. Lediglich die Zuchtgruppe F1xPP (326 g) unterscheidet sich nicht signifikant davon. Trotz ähnlichen Genotyps sind deutliche Unterschiede im Wurfgeburtsgewicht zwischen den beiden Rotationsgenerationen zu erkennen.

Im 2. Wurf sind es fast genau dieselben Zuchtgruppen, die die höchsten und niedrigsten Positionen einnehmen: Auf der unteren Ebene sind es die mit peruanischen Böcken verpaarten bolivianischen Weibchen (PPxBB: 250 g), F1xBB (261 g), die bolivianische Reinzuchtlinie (273 g) sowie PPxRot2B (277 g), auf der oberen wiederum die peruanische Reinzuchtlinie (359 g) zusammen mit F1xPP (348 g).

Beim Wurfabsetzgewicht im 1. Wurf gibt es nur eine Zuchtgruppe, die sich deutlich von den anderen abhebt, und zwar F1xBB mit dem niedrigsten Wurfabsetzgewicht von 379 g. Das höchste wird von der peruanischen Reinzuchtlinie mit 551 g erreicht, wobei F1xPP (516 g), F1xF1 (514 g), BBxRot1P (513 g), PPxRot1B (511 g) und PPxF1 (492 g) sich nicht signifikant davon unterscheiden. Im 2. Wurf entsprechen die Ränge in etwa dem des Wurfgeburtsgewichtes: Die peruanische Reinzuchtlinie (624 g) und die F1xPP (606 g) erzielen die höchsten Wurfabsetzgewichte; die Zuchtgruppen PPxBB (455 g), BBxBB (466 g), F1xBB (468 g), PPxRot2B (478 g), PPxRot1B (497 g) und BBxRot1P (501 g) nehmen die untersten Ränge ein.

Die Zuchtgruppendifferenzen bei den Wurfgewichten von der Geburt bis zum Absetzen scheinen

im wesentlichen durch das Jungtiergewicht bestimmt zu sein, was durch die hohen Wurfgewichte peruanischer Muttertiere zum Ausdruck kommt. Die Zuchtgruppe BBxPP, die einen mittleren bis unteren Rang einnimmt, ist dabei eine Ausnahme. Die sehr niedrigen Wurfgrößen werfen sie trotz höchster Jungtiergewichte bei Geburt und Absetzen im Rang zurück.

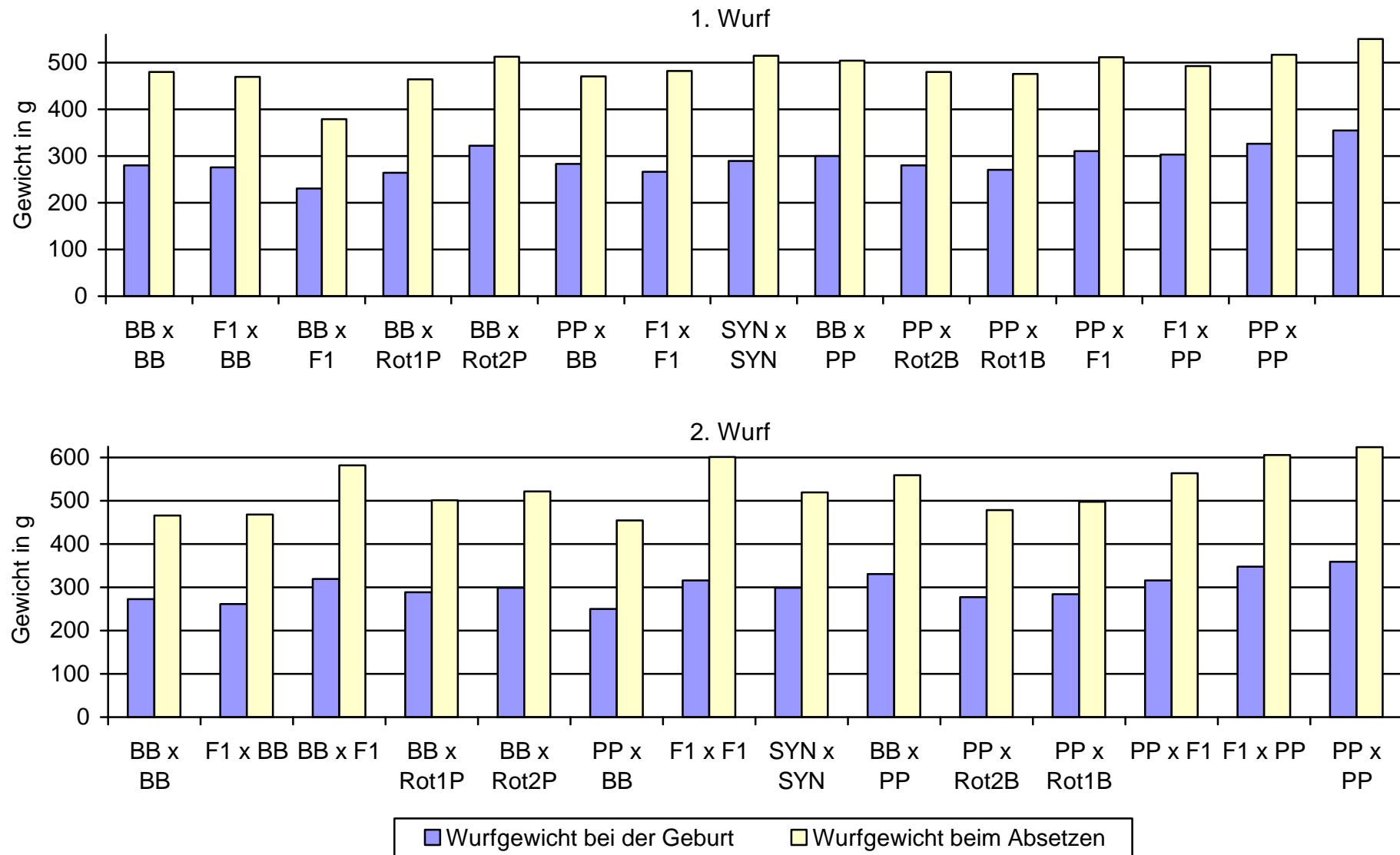
Die bolivianische Reinzuchtlinie, die sich zwar in den unteren Rängen befindet, nimmt nicht mehr den letzten Platz ein wie bei den Jungtiergewichten. Je nach Merkmal und Wurfnummer hingegen steigt sie um ein paar Ränge, bedingt durch eine vergleichsweise hohe Wurfgröße. Der Unterschied zur peruanischen Reinzuchtlinie, die wie bei den Jungtiergewichten sowohl bei der Geburt als auch beim Absetzen den höchsten Rang einnimmt, ist immer signifikant.

**Tab. 4.24: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für das Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen.**

Zucht- gruppe	Wurfgewicht bei der Geburt		Wurfgewicht beim Absetzen	
	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf
	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.
BBxBB	275.6 7.2 bc	272.9 7.7 ab	469.2 19.7 b	465.7 14.5 a
F1xBB	230.7 14.9 a	261.0 15.7 abc	378.9 13.0 b	468.2 30.3 ab
BBxF1	263.9 14.2 ab	319.2 15.4 def	464.2 25.6 b	582.2 29.2 def
BBxRot1P	322.4 10.7 fh	288.5 10.2 bcd	513.1 14.5 c	501.3 19.3 abc
BBxRot2P	282.9 11.4 bcde	299.1 13.4 bcde	470.7 19.4 bc	521.7 25.6 abcd
PPxBB	266.6 11.6 abc	250.2 11.7 a	481.7 21.4 bc	454.8 22.3 a
F1xF1	289.2 11.8 bcdef	315.6 12.8 de	514.3 19.3 bc	600.6 24.5 ef
SYNxSYN	300.2 8.0 deg	298.7 8.3 cd	504.0 21.6 b	519.5 15.7 bcd
BBxPP	280.4 10.8 bcd	330.9 11.7 ef	479.9 26.9 a	559.5 22.4 de
PPxRot2B	270.1 12.1 abc	276.9 13.8 abcd	476.2 20.8 b	477.9 26.2 ab
PPxRot1B	310.2 10.6 efgh	284.1 10.0 bcd	511.3 26.4 bc	497.4 19.1 abc
PPxF1	302.7 14.6 cdefgh	315.4 15.5 def	492.3 25.8 bc	564.0 29.2 cdef
F1xPP	326.3 14.1 ghi	347.8 15.4 fg	516.4 22.4 b	606.0 29.2 ef
PPxPP	355.0 7.9 i	359.3 7.8 g	550.8 14.6 b	624.3 14.8 f

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.083$ )

Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab. 3.3; Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal, siehe Tab. 3.20



**Abb. 4.14: Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte).**

*Figure 4.14: Breeding group comparison for litter weight at birth and weaning (LS means)*

#### **4.3.5.4 LS-Kreuzungsparameterschätzung für die Wurfgewichtsentwicklung von der Geburt bis zum Absetzen**

Die geschätzten Kreuzungsparameter, die in der Tabelle 4.25 absolut und in der Abbildung 4.15 in % dargestellt sind, ergeben im Bild eine Kombination der geschätzten Kreuzungsparameter für die Jungtiergewichte und die Wurfgrößen im jeweiligen Entwicklungsstadium.

Beim Wurfgewicht bei der Geburt herrschen im 1. Wurf positive Linienunterschiede vor, sowohl auf der Nachkommen- als auch auf individueller Ebene, mit einem Ausmaß von jeweils 14 bis 15%. Die Dominanzeffekte auf der Ebene der Nachkommen sind - wie bei der Wurfgröße - negativ. Im 2. Wurf haben sich die positiven Linienunterschiede der Nachkommengewichte durch die negativen der Wurfgröße kompensiert und sind nicht signifikant. Die individuellen Liniendifferenzen sind mit 27.5% von größter Bedeutung. Negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene sind nur nach dem Dickerson-Modell signifikant.

Am Ende der Aufzuchtphase sind beim Wurfgewicht im 1. Wurf immer noch die Linienunterschiede auf individueller (11.4%) und der Nachkommenebene (7.3%) dominierend. Der negative Dominanzeffekt ist nur nach dem Dickerson-Modell signifikant bei einem Ausmaß von -10.2%. Beim 2. Wurf ist eine ähnliche Tendenz festzustellen, wobei den Linienunterschieden der individuellen Ebene eine deutlich größere Bedeutung zukommt. Sie erreichen ein Ausmaß von ca. 25%. Differenzen auf der Nachkommenebene (8.1%) sind nur andeutungsweise vorhanden ( $p=0.832$ ). Negative Dominanzeffekte (-11%) sind wiederum nur nach dem Dickerson-Modell signifikant, nach dem Jakubec-Modell aa liegt die Irrtumswahrscheinlichkeit bei 7.3%.

Insgesamt kann festgehalten werden, dass die additiven Effekte bei den Wurfgewichten die dominierenden sind, wobei je nach Umweltbedingungen der Ebene der Nachkommen und / oder der individuellen mehr oder weniger Bedeutung zukommt. Das heißt: je höher der peruanische Genanteil der Mütter und / oder der Nachkommen, desto höher das Wurfgewicht. Negative Dominanzeffekte, die auf die Komponente der Wurfgröße zurückzuführen sind, deuten sich an. Es könnte sich dabei um eine Art Inkompatibilität bei der Verpaarung der in der Körpergröße extrem unterschiedlichen Linien handeln, wenn dieser Effekt nicht durch ein Artefakt zustande gekommen ist.

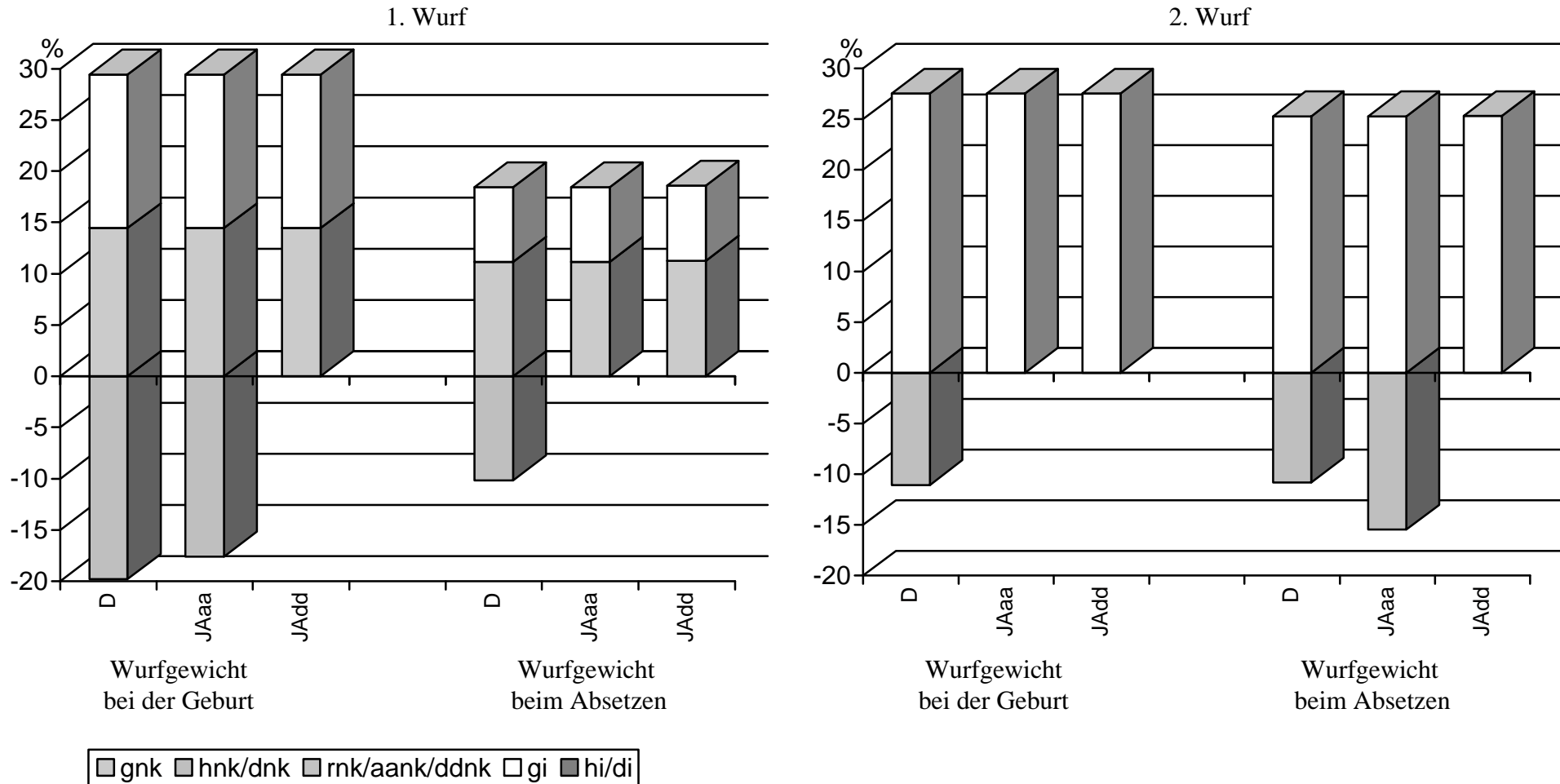
Tab. 4.25: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Wurfgewichtsmerkmale.

Kreuzungs- parameter	Wurfgewicht bei der Geburt (g)		Wurfgewicht beim Absetzen (g)	
	1. Wurf	2. Wurf	1. Wurf	2. Wurf
LSM BBxBB	275.6 S.E.	272.9 S.E.	469.2 S.E.	465.7 S.E.
g <sub>nkD</sub>	<b>39.8</b> 10.6***	12.8 11.3	<b>53.6</b> 19.3**	<b>37.5</b> 21.6+
g <sub>nkJAaa</sub>	<b>39.8</b> 10.6***	12.8 11.3	<b>53.6</b> 19.3**	<b>37.5</b> 21.6+
g <sub>nkJAdd</sub>	<b>39.8</b> 10.6***	12.8 11.3	<b>54.0</b> 19.3**	<b>37.5</b> 21.7+
h <sub>nkD</sub>	<b>-54.5</b> 11.4***	<b>-30.2</b> 9.5**	<b>-47.7</b> 20.8*	<b>-50.5</b> 18.3**
d <sub>nkJAaa</sub>	<b>-48.5</b> 19.3*	-33.0 21.1	-54.1 35.1	<b>-72.1</b> 40.2+
d <sub>nkJAdd</sub>	<b>-46.7</b> 26.4+	-25.8 29.2	-33.2 48.1	-55.5 55.8
r <sub>nkD</sub>	-6.1 17.6	2.8 18.9	6.5 31.8	21.6 36.0
aa <sub>nkJAaa</sub>	-12.1 35.2	5.6 37.8	12.9 63.6	43.3 72.0
dd <sub>nkJAdd</sub>	-7.6 25.5	-4.4 27.2	-16.0 46.2	4.88 51.9
g <sub>iD</sub>	<b>41.3</b> 8.9***	<b>75.1</b> 9.9***	<b>34.2</b> 16.2*	<b>117.8</b> 18.9***
g <sub>iJAaa</sub>	<b>41.3</b> 8.9***	<b>75.1</b> 9.9***	<b>34.2</b> 16.2*	<b>117.8</b> 18.9***
g <sub>iJAdd</sub>	<b>41.3</b> 8.9***	<b>75.1</b> 9.9***	<b>34.4</b> 16.2*	<b>117.9</b> 18.9***
h <sub>iD</sub>	11.0 8.5	0.2 9.2	21.1 15.3	16.5 17.5
d <sub>iJAaa</sub>	11.0 8.5	0.2 9.2	21.1 15.3	16.5 17.5
d <sub>iJAdd</sub>	11.1 9.1	2.0 9.9	26.4 16.5	21.4 18.8

+:  $0.05 \leq p < 0.10$ ; \*:  $0.01 \leq p < 0.05$ ; \*\*:  $0.001 \leq p < 0.01$ ; \*\*\*:  $p < 0.001$ 

Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

## Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen



**Abb. 4.15: Kreuzungsparameter für das Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.15: Crossbreeding parameter estimates for litter weight at birth and weaning in % of the LS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)

#### 4.4 Kriterien der Gesamtproduktivität

Als Kriterien der Gesamtproduktivität werden die Anzahl und das Gesamtgewicht der Nachkommen bezogen auf das Muttertier und das metabolische Körpergewicht der Mutter im ersten Produktionshalbjahr betrachtet (siehe Punkt 3.4.2). Wichtige Leistungsdaten wie Fertilität und Überlebensrate auf der Ebene der Eltern und Nachkommengeneration sowie die Wurfrequenz sind im wesentlichen dabei mitberücksichtigt. Jedoch werden auch hier bei der Analyse nur Tiere mit einer Gesamtleistung, die größer als null ist, erfasst. Ergänzend dazu erfolgt daher eine Angabe über Anzahl und Zuchtgruppenzugehörigkeit der davon betroffenen Fälle. Die Wurfrequenz wird in Form der Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr gesondert dargestellt. Schließlich sei noch darauf verwiesen, dass beim Kreuzungsexperiment II 27 Tiere von der Analyse ausgeschlossen werden mussten, da bei diesen der 1. Wurf nicht erfasst worden war. Davon betroffen sind insbesondere die Rückkreuzungsgruppen und die F1x F1 mit jeweils 2 bis 5 Tieren.

##### 4.4.1 Verteilungsprofile

Bei den Verteilungsprofilen, die in der Abbildung 4.16 dargestellt sind, fällt bei den Wurfgrößenkriterien ein Unterschied zwischen den Bezugsebenen auf: Die Verteilungen der auf das Muttertiere bezogenen Nachkommenzahl laufen sehr spitz zu, d.h. die mittlere Klasse - hier die Tiere mit insgesamt 6 bis 7 Nachkommen (mehr als 20%) - ist besonders häufig vertreten. Ebenso ist ein deutlicher Abfall in der Häufigkeit bei Nachkommenzahlen unter 5 und über 8 festzustellen. Die Verteilung der auf das metabolische Muttergewicht bezogenen Nachkommenzahl verläuft relativ gleichmäßig und entspricht weitestgehend der Kurve der Normalverteilung.

Im ersten Produktionshalbjahr werden pro weibliches Zuchttier im Durchschnitt 6.5 Jungtiere geboren, wobei die Spannweite von 1 bis 14 reicht. Bezogen auf das metabolische Körpergewicht ist das Spektrum (0.9 bis 18 Nachkommen) etwas weiter, was hauptsächlich auf die im Gewicht sehr unterschiedlichen Reinzuchtlinien zurückzuführen sein dürfte. Der Mittelwert liegt bei 7.7 Nachkommen (SD: 2.94). Die Anzahl lebend geborener Jungtiere ist im Durchschnitt um 0.2 geringer als die der gesamt geborenen, sowohl bezogen auf das Muttertier als auch auf das metabolische Körpergewicht. Der Anteil von Gesamtverlusten, der hier nicht mitberücksichtigt ist, liegt bei 0.27%.

Beim Absetzen ist die Anzahl der Nachkommen im Vergleich zu den lebend geborenen um 0.43 bezogen auf das Muttertier ( $\bar{x}$ : 5.88; SD: 2.21) bzw. um 0.53 bezogen auf das metabolische Körpergewicht ( $\bar{x}$ : 6.95; SD: 2.86) zurückgegangen. Der Anteil der auf Grund von Gesamtverlusten nicht berücksichtigten Tiere liegt - bezogen auf die Anzahl der Tiere mit lebend geborenen Nachkommen - bei 1.15%.

Die Anzahl der ausgemästeten Nachkommen im ersten Produktionshalbjahr beträgt im Durchschnitt 5.58 (SD: 2.17) pro Muttertier bzw. 6.65 (SD: 2.82) pro metabolisches Muttergewicht. Gesamtverluste nach dem Absetzen sind mit einer Häufigkeit von 0.6% sehr gering.

Bei den Gesamtgewichten sind die Verteilungsprofile bezogen auf das Muttertier und auf das metabolische Muttergewicht sehr ähnlich. Die absolute Spannweite beider Bezugsebenen ist in etwa vergleichbar, Mittelwerte und Standardabweichungen sind jedoch beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht höher.

Das Gesamtgewicht im ersten Produktionshalbjahr der lebend geborenen Jungtiere pro Muttertier beträgt im Durchschnitt 686 g (SD: 227.5 g) und liegt beim Absetzen (1127.7 g; SD: 410.1 g) um 60 bis 70% darüber. Das Gesamtgewicht am Mastende (3201.1 g; SD: 1286.8 g) hat sich gegenüber dem Gewicht der abgesetzten Nachkommen - wie bei den Einzelwurfgewichten - in etwa

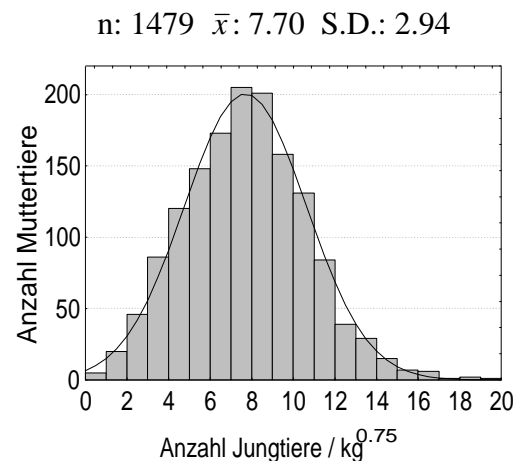
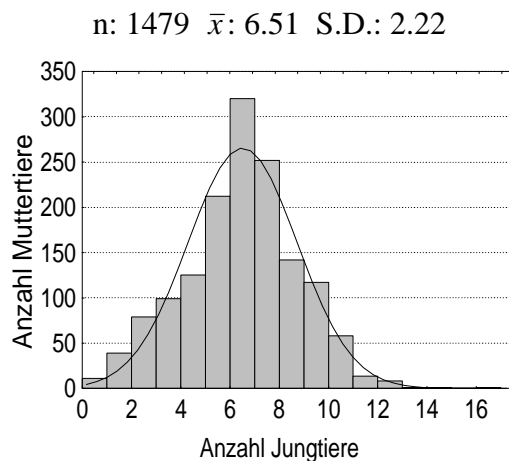


verdreifacht und gegenüber dem der geborenen Nachkommen fast verfünffacht. Bei den auf das metabolische Körpergewicht bezogenen Gewichte stimmt diese Proportionalität überein.

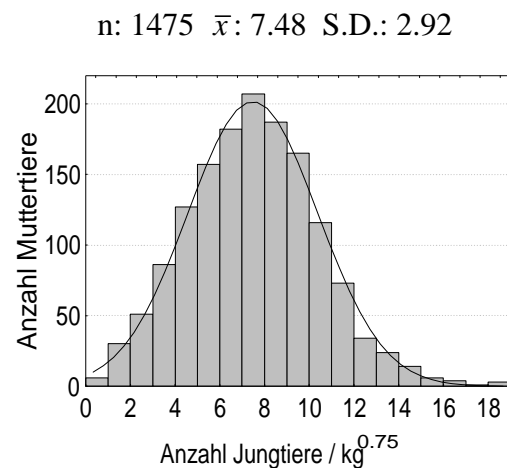
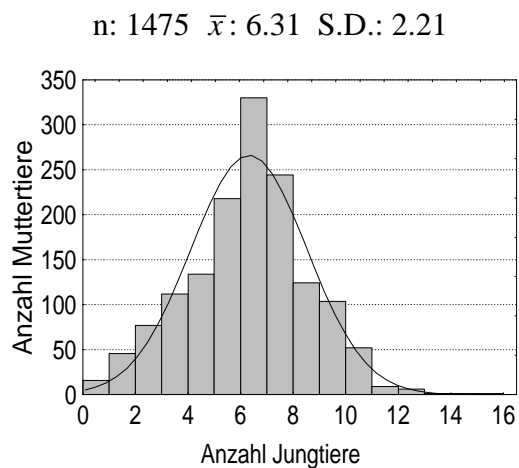
**pro Muttertier und erstem Produktionshalbjahr**

**pro metabolisches Muttergewicht und erstem Produktionshalbjahr**

Anzahl geborener Jungtiere



Anzahl lebend geborener Jungtiere

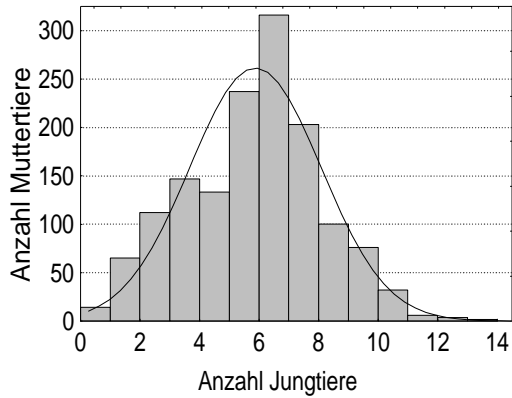


**Abb. 4.16: Verteilungsprofile von Kriterien der Gesamtproduktivität.** *Figure 4.16: Distribution profiles for productivity traits*

**pro Muttertier und erstem  
Produktionshalbjahr**

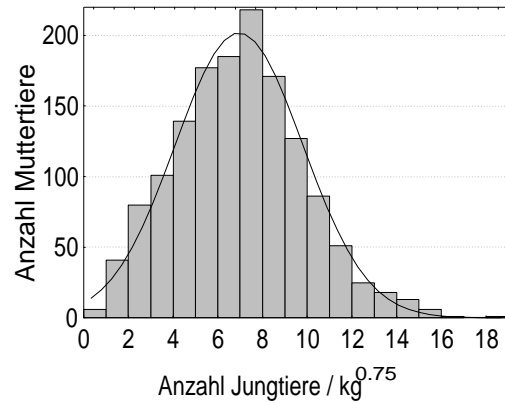
Anzahl abgesetzter Jungtiere

n: 1447  $\bar{x}$ : 5.88 S.D.: 2.21



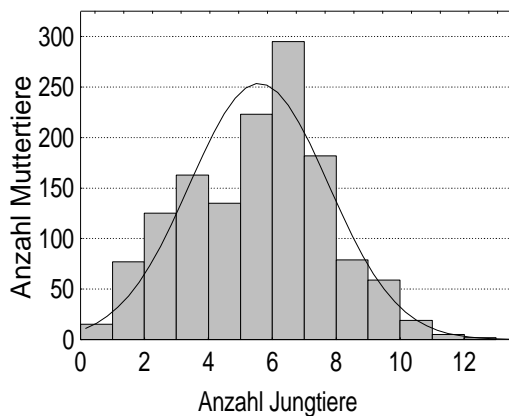
**pro metabolisches Muttergewicht und  
erstem Produktionshalbjahr**

n: 1447  $\bar{x}$ : 6.95 S.D.: 2.86

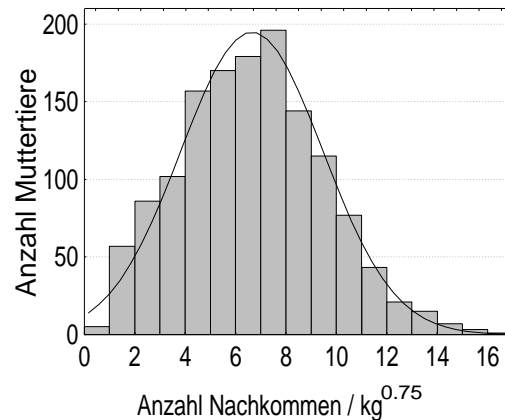


Anzahl ausgemästeter Nachkommen

n: 1379  $\bar{x}$ : 5.58 S.D.: 2.17

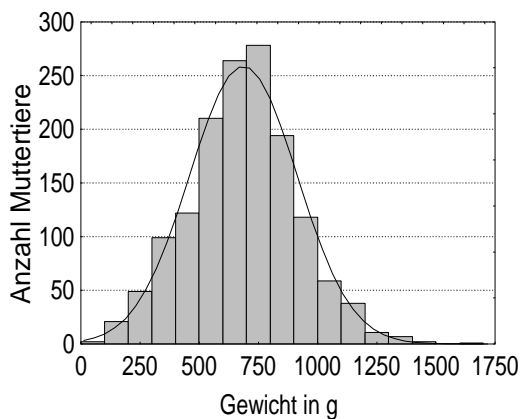


n: 1379  $\bar{x}$ : 6.65 S.D.: 2.82

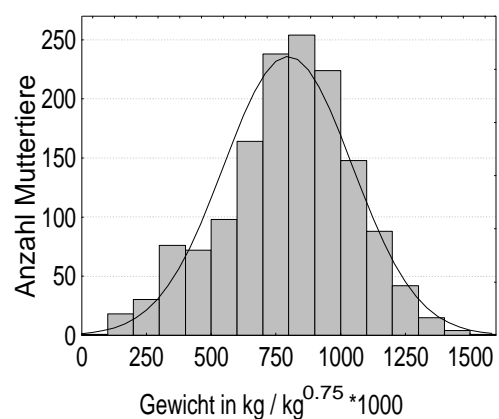


Gesamtgewicht (lebend) geborener Jungtiere

n: 1475  $\bar{x}$ : 686.0 S.D.: 227.5



n: 1475  $\bar{x}$ : 796.7 S.D.: 249.2



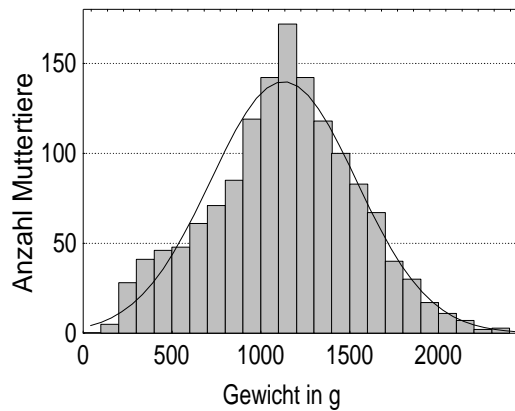
**Abb. 4.16: Fortsetzung**

**pro Muttertier und erstem  
Produktionshalbjahr**

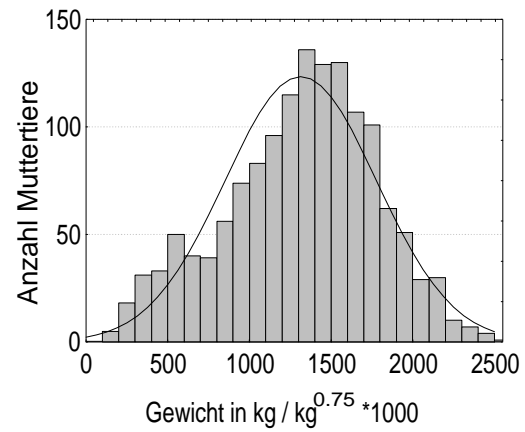
**pro metabolisches Muttergewicht und  
erstem Produktionshalbjahr**

Gesamtgewicht abgesetzter Jungtiere

n: 1438  $\bar{x}$ : 1127.7 S.D.: 410.1

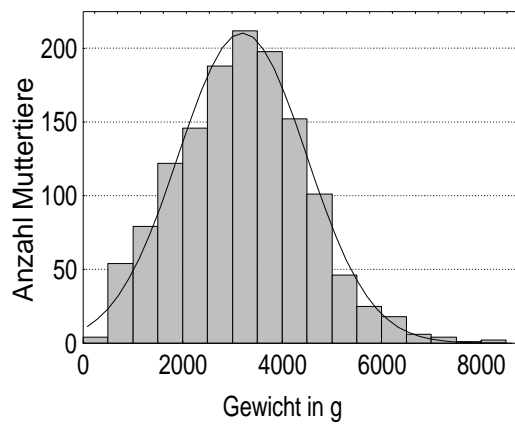


n: 1438  $\bar{x}$ : 1314.1 S.D.: 464.4

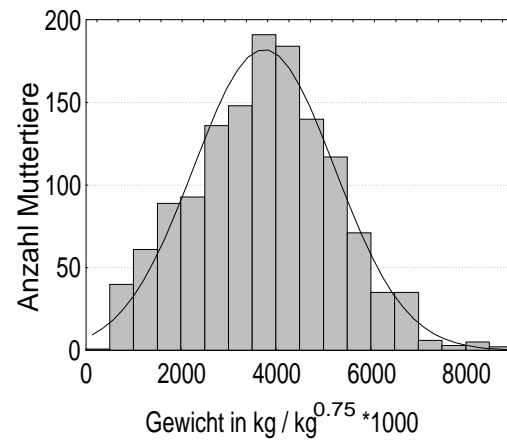


Gesamtwurfgewicht 84 Tage post partum (Mastende)

n: 1358  $\bar{x}$ : 3201.1 S.D.: 1286.8



n: 1358  $\bar{x}$ : 3748.8 S.D.: 1487.0



**Abb. 4.16: Fortsetzung**

#### 4.4.2 Schätzung von Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für Hilfskriterien der Gesamtproduktivität: Muttergewicht

Das Muttergewicht ist ein Kriterium, das neben den besprochenen Merkmalen der Reproduktionsleistung eine wichtige Rolle spielt. Es ist insofern von Bedeutung, da es die Fütterungskosten auf der Ebene der Zuchttiere repräsentiert. Um den Erhaltungsbedarf zwischen den in der Körpergröße und im Körpergewicht sehr unterschiedlichen Zuchtgruppen vergleichbar zu machen, wird das Muttergewicht in Form des metabolischen Körpergewichts berechnet. Das metabolische Körpergewicht stellt beim Gesamtproduktivitätsvergleich die Bezugsgröße dar.

##### 4.4.2.1 LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleich und Kreuzungsparameterschätzung für das Muttergewicht und das metabolische Muttergewicht

Die Ergebnisse der Varianzanalyse und des Zuchtgruppenmittelwertvergleiches für das Muttergewicht und das metabolische Muttergewicht sind nahezu identisch. Die Effekte Zuchtgruppe und Jahr-Saison sind hochsignifikant, das Bestimmtheitsmaß von ca. 68.5% ist recht hoch (siehe Anhang Tab. A10). Zur besseren Vergleichbarkeit der Mittelwerte wurde das metabolische Körpergewicht mit 1000 multipliziert. Das mittlere Muttergewicht liegt bei 836.8 g (SD: 183.8 g); das mittlere metabolische Muttergewicht bei  $871.0 \text{ kg} \cdot 1000 / \text{kg}^{0.75}$  (SD: 143.1).

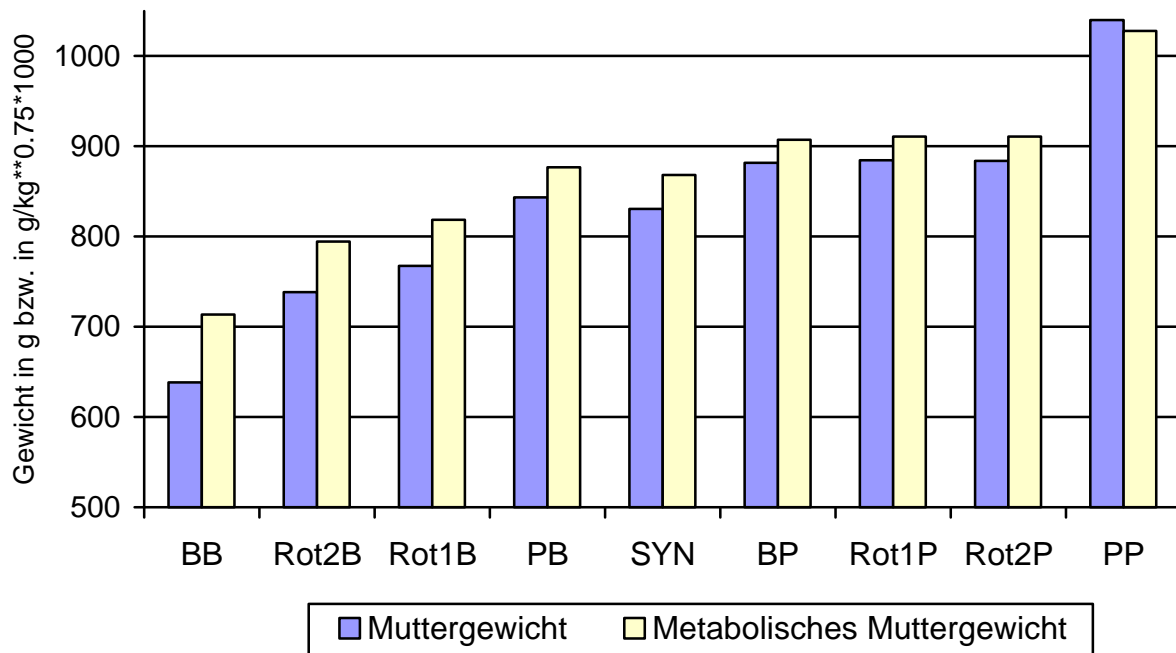
**Tab. 4.26 LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für das Muttergewicht und das metabolische Muttergewicht. Table 4.26: LS breeding group means and standard errors for dam weight and metabolic dam weight**

Zucht- gruppe	n	Muttergewicht [g]			Metabolisches Muttergewicht [ $\text{kg}^{0.75} \cdot 1000$ ]		
		LSM	S.E.		LSM	S.E.	
BB	323	638.3	6.5	a	713.4	5.0	a
Rot2B	92	738.6	15.7	b	794.5	12.2	b
Rot1B	109	767.3	12.2	b	818.3	9.4	b
PB	98	843.2	13.0	cd	876.9	10.1	c
SYN	203	830.5	9.4	c	868.4	7.3	c
BP	76	881.6	14.1	e	907.6	11.0	d
Rot1P	110	884.5	12.1	e	910.9	9.4	d
Rot2P	96	884.2	14.4	de	911.1	11.1	d
PP	370	1040.1	6.7	f	1028.3	5.2	e

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ )

Die Spannweite der Zuchtgruppenmittelwerte, die in der Tabelle 4.26 und Abbildung 4.17 dargestellt sind, wird durch die beiden Reinzuchtlinien begrenzt. Der Unterschied zwischen der bolivianischen und der peruanischen Linie entspricht sowohl beim Muttergewicht als auch beim metabolischen 2.2 phänotypischen Standardabweichungen. Bei den Kreuzungsgruppen ist eine deutliche Gewichtszunahme mit zunehmendem peruanischen Genanteil zu erkennen. Eine Ausnahme bildet die Zuchtgruppe BP, d.h. die F1 mit peruanischer Mutter, deren peruanischer Genanteil bei 50% liegt, das Gewicht jedoch dem der peruanischen Rotation (62.5-68.75% pe-

ruanischer Genanteil) entspricht.



**Abb. 4.17: Muttergewicht und metabolisches Muttergewicht im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte).** *Figure 4.17: Breeding group comparison for dam weight and metabolic dam weight (LS means)*

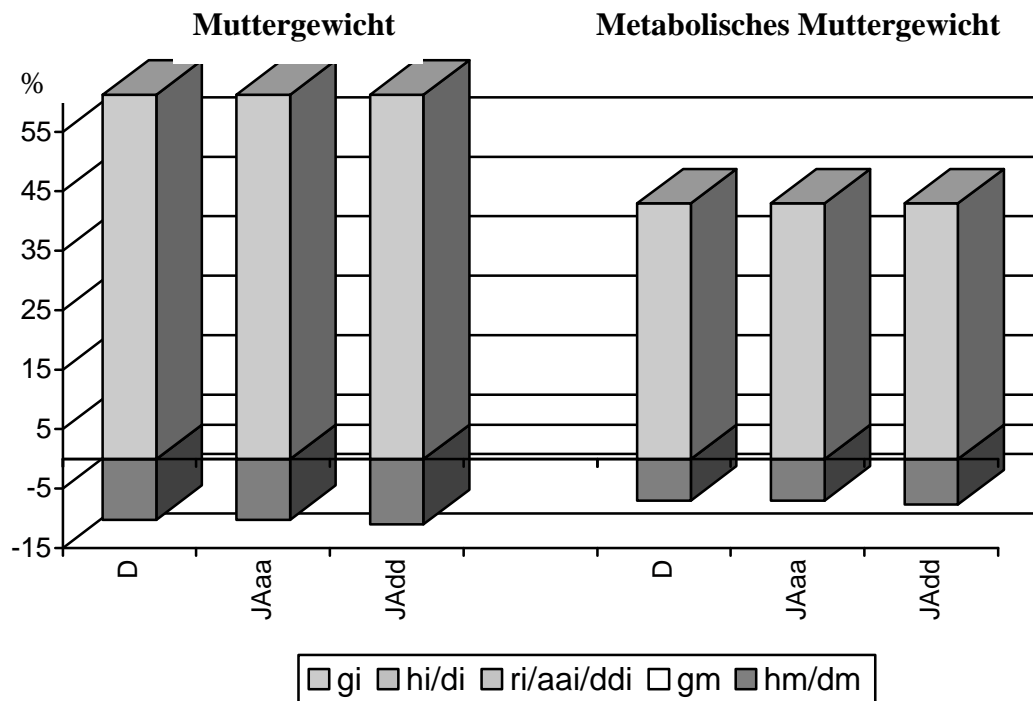
Bei der Schätzung der Kreuzungsparameter (siehe Tab. 4.27 und Abb. 4.18) stellen die individuellen Linienunterschiede die bedeutendsten Effekte dar, mit einem Ausmaß von 61% des LS-Zuchtgruppenwertes der bolivianischen Reinzuchtlinie beim Muttergewicht und von 43% beim metabolischen. An zweiter Stelle stehen die negativen Dominanzeffekte auf maternaler Ebene, die nach allen drei Modellen sowohl beim Muttergewicht (-10 bis -11%) als auch beim metabolischen (-7.0 bis -7.7%) ein Signifikanzniveau von weniger als 1% erreichen. Individuelle Dominanzeffekte erreichen nur beim Muttergewicht und nach dem Dickerson-Modell eine Irrtumswahrscheinlichkeit von weniger als 10%. Weitere Kreuzungseffekte können nicht nachgewiesen werden.

Während die individuellen Linienunterschiede offensichtlich und plausibel sind, erscheinen die negativen Dominanzeffekte auf maternaler Ebene fragwürdig, angesichts der Tatsache, dass es sich um ein Gewichtsmerkmal in einem Alter handelt, wo maternale Einflüsse und nicht-additive Effekte in der Regel keine Rolle spielen. Nicht erfassbare Umwelteffekte die mit den Zuchtgruppeneffekten vermengt auftreten, z.B. ein unterschiedliches Alter bei der ersten Anpaarung, könnten eine Rolle spielen.

**Tab. 4.27: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für das Muttergewicht [g] und das metabolische Muttergewicht [ $\text{kg}^{0.75} \cdot 1000$ ].** Table 4.27: *LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for dam weight [g] and metabolic dam weight [ $\text{kg}^{0.75} \cdot 1000$ ].*

Kreuzungsparameter	Muttergewicht		Metabolisches Muttergewicht	
LSM BB	638.3	S.E.	713.4	S.E.
$g_{iD}$	<b>390.7</b>	14.0***	<b>306.8</b>	10.9***
$g_{iJAaa}$	<b>390.7</b>	14.0***	<b>306.8</b>	10.9***
$g_{iJAdd}$	<b>390.7</b>	14.0***	<b>306.8</b>	10.9***
$h_{iD}$	<b>21.2</b>	10.9+	19.9	8.5
$d_{iJAaa}$	-4.9	27.5	-4.8	21.3
$d_{iJAdd}$	-20.4	42.2	-19.6	32.8
$r_{iD}$	26.1	25.7	24.7	20.0
$aa_{iJAaa}$	52.2	51.4	49.4	39.9
$dd_{iJAdd}$	41.5	41.2	39.4	31.9
$g_{mD}$	13.3	12.2	10.2	9.5
$g_{mJAaa}$	13.3	12.2	10.2	9.5
$g_{mJAdd}$	13.3	12.2	10.2	9.5
$h_{mD}$	<b>-65.5</b>	23.7**	<b>-49.9</b>	18.4**
$d_{mJAaa}$	<b>-65.5</b>	23.7**	<b>-49.9</b>	18.4**
$d_{mJAdd}$	<b>-70.6</b>	26.7**	<b>-54.7</b>	20.4**

n = 1477; +:  $0.05 \leq p < 0.10$ ; \*:  $0.01 \leq p < 0.05$ ; \*\*:  $0.001 \leq p < 0.01$ ; \*\*\*:  $p < 0.001$



**Abb. 4.18: Kreuzungsparameter für das Muttergewicht und das metabolische Muttergewicht in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** Figure 4.18: *Crossbreeding parameter estimates for dam weight and metabolic dam weight in % of the LS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd; (siehe Punkt 3.5)

#### **4.4.3 Schätzung von LS-Zuchtgruppenmittelwerten und Kreuzungsparametern für Kriterien der Gesamtproduktivität: Anzahl und Gesamtgewicht der Nachkommen von der Geburt bis 84 Tage post partum**

Ein Zuchtgruppenvergleich der Gesamtproduktivitätskriterien birgt bereits einen Vergleich von Zuchtssystemen in sich, da die verschiedenen Zuchtgruppen bereits diese Systeme oder Teilsysteme verkörpern. Insofern ist die folgende Analyse ein wichtiger Anhaltspunkt für die Beurteilung der Effizienz der verschiedenen Zuchtssysteme unter den gegebenen Umwelt- und Managementbedingungen.

##### **4.4.3.1 LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleiche für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr**

Nach den Ergebnissen der Varianzanalyse (siehe Anhang A10) ist der Effekt der Zuchtgruppe für die Anzahl der Nachkommen von der Geburt bis zum Mastende bezogen auf das Muttertier und auf das metabolische Muttergewicht hochsignifikant. Der Jahr-Saison-Effekt ist nur für die Nachkommenzahl pro metabolisches Körpergewicht bei der Geburt nicht signifikant. Das Bestimmtheitsmaß für die auf das Muttertier bezogenen Nachkommenzahl ist sehr niedrig und variiert zwischen 7% (Anzahl gesamt geborene Nachkommen) und 8.1% (Anzahl abgesetzte). Durch den Bezug auf das metabolische Körpergewicht erhöht sich das Bestimmtheitsmaß um mehr als das dreifache auf 23.8% (Anzahl lebend geborene Nachkommen) bis 25.4% (Anzahl gesamt geborene).

Die Tiere mit Gesamtverlusten, d.h. Tiere, die Nachkommen geboren haben, von denen keines die jeweilige Entwicklungsphase überlebt hat, sind bei der Varianzanalyse nicht mitberücksichtigt. Solche Verluste sind eher Ausnahmefälle. Es wurden 4 Muttertiere ohne lebende Nachkommen beobachtet, die alle der peruanischen Reinzuchtlinie angehören und ihren 1. Wurf in den Monaten April bis Mai 1993 hatten, d.h. in der Jahreszeit des erhöhten Krankheitsdruckes. Von den Gesamtverlusten bis zum Absetzen sind 17 Muttertiere betroffen. Es handelt sich dabei vornehmlich um Mütter der peruanischen Reinzuchtlinie (11), von denen 8 in der genannten kritischen Jahreszeit ihren Wurf hatten. Es sind in der Regel sehr geschwächte Muttertiere, die während oder kurz nach der Aufzucht des 1. Wurf sterben. Verschiedene andere Zuchtgruppen sind in geringerem Maße davon betroffen: PPxBB (3), F1xF1 (1), PPxRot2B (1), SYNxSYN (1). Die Gesamtverluste nach dem Absetzen (9) sind wiederum bei der peruanischen Reinzuchtlinie (7) am höchsten, von denen 5 erste Würfe in die Monate erhöhten Krankheitsdruck fallen. Weiterhin betroffen sind die Zuchtgruppen BBxF1 (1) und BBxRot1P (1).

Der Vergleich der Zuchtgruppenmittelwerte, die in der Tabelle 4.28 und Abbildung 4.19 dargestellt sind, zeigt eine deutliche Überlegenheit der bolivianischen Reinzuchtlinie in der Nachkommenzahl von der Geburt bis zum Mastende gegenüber der peruanischen sowohl beim Bezug auf das Muttertier (ca. 0.6 phänotypische Standardabweichungen) und in noch stärkerem Maße beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht (ca. 1.4 SD). Die Anpaarungen zur reziproken F1 entsprechen den beiden Reinzuchtlinien insofern, als bolivianische Mütter, die mit peruanischen Böcken angepaart werden, mit die höchsten Nachkommenzahlen erreichen, dagegen peruanische Mütter, angepaart mit bolivianischen Böcken, den niedrigsten Nachkommenumfang aufweisen.

Die Rotationsgruppen und die Synthetics nehmen eine mittlere Position ein. Es können keine Unterschiede in der Nachkommenzahl weder bezogen auf das Muttertier noch auf das metabolische Körpergewicht von der Geburt bis zum Mastende festgestellt werden. Die absolute Nachkommenzahl von RotP-Müttern ist in der Tendenz höher als die der RotB-Mütter. Jedoch sind die Schätzwerte zu ungenau, als dass sich ein signifikanter Unterschied ergäbe. Daher ergibt sich auch beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht, das bei den RotP-Müttern deutlich höher

ist, (siehe Punkt 4.4.2.1) kein signifikanter Unterschied.

Auch zwischen den Synthetics und der F1xF1 sind weder beim Bezug auf das Muttertier noch beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht Unterschiede in der Nachkommenzahl von der Geburt bis zum Mastende festzustellen. Die Schätzwerte der F1xF1 sind jedoch relativ ungenau mit einer nach unten gerichteten Tendenz.

Was die Rückkreuzungsgruppen betrifft, so ist der Stichprobenumfang zu niedrig, um eine gesicherte Aussage treffen zu können. An Hand der Schätzwerte, bezogen auf das Muttertier, ist zwischen diesen einzelnen Zuchtgruppen kein Unterschied statistisch nachweisbar. Mit dem Bezug auf das Muttergewicht sind die bolivianischen Mütter, die mit einem F1-Bock angepaart werden, den ebenfalls mit einem F1-Bock angepaarten peruanischen Müttern deutlich überlegen. Zwischen F1-Müttern, die mit einem bolivianischen oder peruanischen Bock angepaart wurden, besteht kein Unterschied. Sie nehmen eine Mittelstellung ein und unterscheiden sich sowohl von den Rückkreuzungen mit bolivianischen Müttern als auch von denen mit peruanischen Müttern signifikant.

Den Ergebnissen der Zuchtgruppenmittelwerte zufolge stellen die bolivianische Reinzuchtlinie zusammen mit einer Gebrauchskreuzung von peruanischen Böcken mit bolivianischen Müttern sowohl mit Bezug auf das Muttertier als auch mit Bezug auf das metabolische Körpergewicht unter den gegebenen Umwelt- und Managementbedingungen die erfolgversprechendsten Zuchtssysteme hinsichtlich der Nachkommenzahl dar. Mit Bezug auf das Muttertier erreichen die Synthetics vergleichbare Nachkommenzahlen.



**Tab. 4.28: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Gesamtleistungskriterien: Anzahl Nachkommen pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum. Table 4.28: LS breeding group means and standard errors for number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum**

Zucht- gruppe	Anzahl geborener Jungtiere		Anzahl lebend geborener Jungtiere	
	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr</i>	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr</i>
	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.
BBxBB	7.32 0.19 d	10.11 0.23 g	7.11 0.19 d	9.82 0.23 e
F1xBB	6.22 0.39 abc	8.89 0.47 ef	6.14 0.39 abc	8.77 0.47 de
BBxF1	6.51 0.38 abcd	7.41 0.45 bcd	6.41 0.38 abcd	7.29 0.45 bc
BBxRot1P	6.71 0.28 bcd	7.39 0.34 bc	6.58 0.28 cd	7.24 0.34 bc
BBxRot2P	6.65 0.30 bcd	7.29 0.36 bc	6.50 0.30 bcd	7.14 0.36 bc
PPxBB	6.56 0.31 bcd	9.57 0.37 fg	6.42 0.31 bcd	9.38 0.37 e
F1xF1	6.43 0.32 abc	7.38 0.37 bcd	6.26 0.32 abc	7.18 0.38 bc
SYNxSYN	6.99 0.21 cd	8.14 0.26 de	6.69 0.21 cd	7.76 0.26 cd
BBxPP	5.70 0.29 a	5.63 0.34 a	5.57 0.29 a	5.48 0.34 a
PPxRot2B	6.34 0.33 ab	8.03 0.39 cde	6.24 0.33 abc	7.88 0.40 cd
PPxRot1B	6.37 0.28 ab	7.81 0.34 cde	6.14 0.28 abc	7.53 0.34 c
PPxF1	6.49 0.39 abcd	7.56 0.46 cd	6.43 0.39 abcd	7.50 0.46 c
F1xPP	6.47 0.38 abcd	6.49 0.45 ab	6.32 0.38 abcd	6.34 0.45 ab
PPxPP	5.95 0.21 ab	5.82 0.25 a	5.74 0.21 ab	5.62 0.25 a

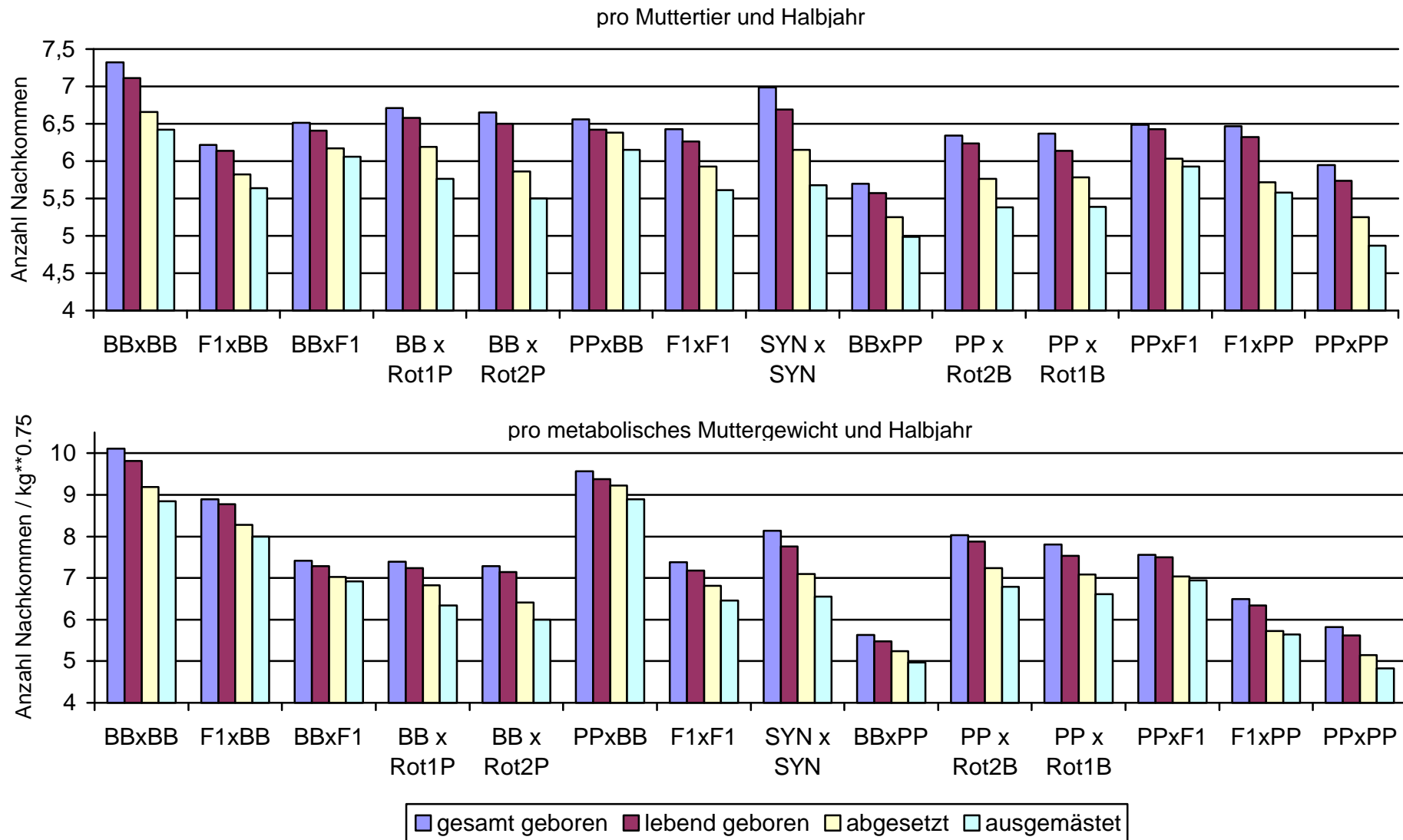
Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ );

**Tab. 4.28: Fortsetzung.** *Table 4.28: continued*

<b>Zucht- gruppe</b>	<b>Anzahl abgesetzter Jungtiere</b>		<b>Anzahl ausgemästeter Nachkommen</b>	
	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>Pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr</i>	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr</i>
	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.
BBxBB	6.66 0.19 d	9.19 0.22 f	6.42 0.19 d	8.84 0.22 fg
F1xBB	5.82 0.39 abcd	8.28 0.46 ef	5.64 0.39 abcd	8.00 0.45 f
BBxF1	6.17 0.38 bcd	7.02 0.44 cd	6.06 0.37 bcd	6.92 0.44 de
BBxRot1P	6.19 0.28 cd	6.82 0.33 bcd	5.76 0.28 bcd	6.34 0.33 bcd
BBxRot2P	5.86 0.30 abc	6.41 0.35 bc	5.50 0.30 abc	6.00 0.35 bd
PPxBB	6.38 0.32 cd	9.22 0.38 f	6.15 0.32 cd	8.89 0.38 fg
F1xF1	5.93 0.32 abcd	6.81 0.37 cd	5.61 0.31 abc	6.46 0.37 bcd
SYNxSYN	6.15 0.21 cd	7.10 0.25 d	5.68 0.22 bc	6.55 0.25 bcd
BBxPP	5.25 0.28 ab	5.24 0.33 a	4.99 0.28 a	4.97 0.33 a
PPxRot2B	5.76 0.33 abc	7.24 0.39 de	5.38 0.33 abc	6.79 0.39 cef
PPxRot1B	5.78 0.28 abc	7.08 0.33 cd	5.39 0.28 ab	6.61 0.34 bcd
PPxF1	6.03 0.39 abcd	7.04 0.45 cd	5.93 0.38 bcd	6.94 0.45 de
F1xPP	5.72 0.37 abc	5.73 0.44 ab	5.58 0.37 abcd	5.64 0.43 abc
PPxPP	5.25 0.21 a	5.15 0.25 a	4.87 0.22 a	4.83 0.26 a

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ );

Erläuterung der Zuchtgruppen, siehe Tab. 3.3; Stichprobenumfang je Zuchtgruppe und Merkmal siehe Tab. 3.21



**Abb. 4.19: Anzahl Nachkommen pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum (Mastende) im Vergleich der Zuchtgruppen (LS-Mittelwerte).** *Figure 4.19: Breeding group comparison for number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum (LS means)*

#### **4.4.3.2 LS-Kreuzungsparameter für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr**

Bei den geschätzten Kreuzungsparametern für die Nachkommenzahlen, die in der Tabelle 4.29 und in der Abbildung 4.20 dargestellt sind, dominieren insgesamt die negativ gerichteten Linieneunterschiede sowohl auf der Nachkommen- als auch auf individueller Ebene. Während beim Bezug auf das Muttertier der Ebene der Nachkommen besondere Bedeutung zukommt, so herrschen beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht die Liniendifferenzen auf individueller Ebene vor.

Die Nachkommenzahlen bei der Geburt, insbesondere die Anzahl der gesamt geborenen, werden neben additiven Effekten auch von nicht-additiven bestimmt. Wie bereits bei den Wurfgrößen ist mit negativen Dominanzeffekten auf der Nachkommenebene zu rechnen. Bei der Anzahl der gesamt geborenen Jungtieren pro Muttertier sind sie nach allen drei genetischen Modellen signifikant mit einem Ausmaß von -8 (Dickerson-Modell) bis -27.7% (Jakubec-Modell dd). Bei den lebend geborenen sind sie nur im Bezug auf das Muttertier nach dem Jakubec-Modell signifikant. Epistatische Effekte auf der Nachkommenebene sind ebenso nur im Bezug auf das Muttertier und nur bei der Anzahl gesamt geborener Nachkommen deutlich von null verschieden und mit positivem Vorzeichen. Sie variieren zwischen 13.7% (Rekombinationsverluste) und 27.3% (Additiv x Additiv-Interaktionen) des LS-Zuchtgruppenmittelwertes für die bolivianische Reinzuchtlinie und kompensieren damit die negativen Dominanzeffekte.

Die Liniendifferenzen auf der Ebene der Nachkommen für sämtliche Nachkommenzahlen pro Muttertier von der Geburt bis zum Mastende sind relativ konstant und liegen zwischen -11% und -13%. Auf individueller Ebene sind sie erst beim Absetzen nachweisbar (-8.4%) und nehmen bis zum Mastende (-9.7%) leicht zu. Beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht variieren die Linienunterschiede auf der Nachkommenebene für sämtliche Nachkommenzahlen zwischen -7.5 und -8%. Die individuellen Differenzen (-32.8%) sind bereits bei der Geburt hochsignifikant und um mehr als das 4-fache größer als die auf der Nachkommenebene. Auch sie nehmen bis zum Mastende noch etwas zu und liegen dort bei -36%. Die negativen Liniendifferenzen auf der Nachkommenebene bewegen sich beim Bezug auf das Muttertier und auf das metabolische Muttergewicht in etwa derselben Größenordnung, d.h. mit zunehmendem peruanischen Genanteil der Nachkommen bzw. des Bockes ist mit einer Verringerung der Nachkommenzahl von bis zu 8 bis 13% gegenüber der bolivianischen Reinzuchtlinie zu rechnen.

Da die individuellen Linienunterschiede beim Bezug auf das Muttertier erst beim Absetzen auftreten, ist davon auszugehen, dass der Grund dafür in einer verminderten Aufzuchtleistung peruanischer Reinzuchtmütter liegt. Die Differenzen auf individueller Ebene beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht sind im wesentlichen auf die deutlichen Gewichtsunterschiede der Mütter in den beiden Reinzuchtlinien zurückzuführen. Die negativen Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene bei der Anzahl der geborenen Nachkommen wirft erneut die Frage auf, ob es eine Art Inkompatibilität im Paarungsverhalten oder in der Fortpflanzungsphysiologie bei der reziproken Anpaarung der beiden Reinzuchtlinien gibt. Bei der Anpaarung von bolivianischen Zuchtweibchen mit peruanischen Böcken wird dieser Effekt bei den LS-Zuchtgruppenmittelwerten - im Gegensatz zur reziproken Anpaarung - nicht offensichtlich.

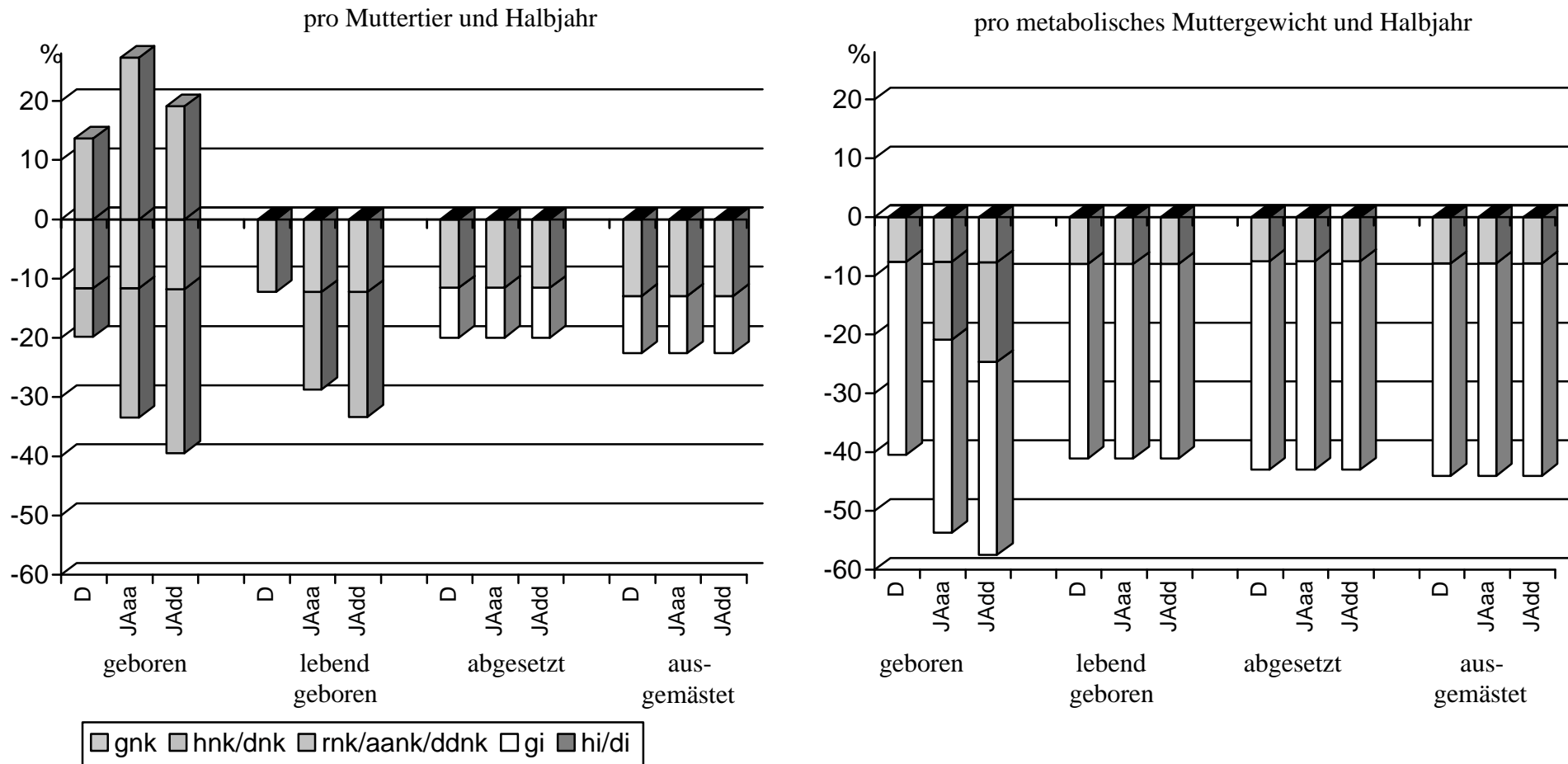
Eine Optimierung der Zuchtsysteme nach den Kreuzungseffekten zeichnet unter den gegebenen Bedingungen sowohl beim Bezug auf das Muttertier als auch auf das metabolische Muttergewicht eine Reinzucht mit der bolivianischen Linie als das optimale Zuchtverfahren bezüglich der Anzahl Nachkommen aus.

**Tab. 4.29 LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Gesamtleistungsmerkmale: Anzahl Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr sowie pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum. Table 4.29: LS crossbreeding parameter estimates and standard errors for productivity traits: Number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum**

Kreuzungs- param.	Anzahl geborener Jungtiere		Anzahl lebend geborener Jungtiere		Anzahl abgesetzter Jungtiere		Anzahl ausgemästeter Jungtiere	
	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metab. Muttergewicht und Halbjahr</i>	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metab. Muttergewicht und Halbjahr</i>	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metab. Muttergewicht und Halbjahr</i>	<i>pro Muttertier und Halbjahr</i>	<i>pro metab. Muttergewicht und Halbjahr</i>
BBxBB	7.32 S.E.	10.11 S.E.	7.11 S.E.	9.82 S.E.	6.66 S.E.	9.19 S.E.	6.42 S.E.	8.84 S.E.
g <sub>nkD</sub>	<b>-0.85</b> 0.28**	<b>-0.77</b> 0.33*	<b>-0.87</b> 0.28**	<b>-0.78</b> 0.33*	<b>-0.77</b> 0.28**	<b>-0.69</b> 0.33*	<b>-0.83</b> 0.28**	<b>-0.70</b> 0.33*
g <sub>nkJAaa</sub>	<b>-0.85</b> 0.28**	<b>-0.77</b> 0.33*	<b>-0.87</b> 0.28**	<b>-0.78</b> 0.33*	<b>-0.77</b> 0.28**	<b>-0.69</b> 0.33*	<b>-0.83</b> 0.28**	<b>-0.70</b> 0.33*
g <sub>nkJAdd</sub>	<b>-0.86</b> 0.28**	<b>-0.78</b> 0.33*	<b>-0.87</b> 0.28**	<b>-0.78</b> 0.33*	<b>-0.77</b> 0.28**	<b>-0.69</b> 0.33*	<b>-0.83</b> 0.28**	<b>-0.70</b> 0.33*
h <sub>nkD</sub>	<b>-0.60</b> 0.31*	-0.46 0.36	-0.49 0.31	-0.33 0.36	-0.28 0.31	-0.09 0.36	-0.20 0.30	-0.03 0.36
d <sub>nkJAaa</sub>	<b>-1.60</b> 0.51**	<b>-1.34</b> 0.60*	<b>-1.17</b> 0.51*	-0.80 0.61	-0.67 0.51	-0.19 0.60	-0.30 0.51	0.26 0.60
d <sub>nkJAdd</sub>	<b>-2.03</b> 0.70*	<b>-1.71</b> 0.83*	<b>-1.50</b> 0.70*	-1.05 0.83	-0.79 0.70	-0.16 0.82	-0.34 0.70	0.40 0.83
r <sub>nkD</sub>	<b>1.00</b> 0.46*	0.88 0.55	0.67 0.46	0.46 0.55	0.38 0.46	0.10 0.54	0.10 0.46	-0.29 0.54
aa <sub>nkJAaa</sub>	<b>2.00</b> 0.93*	1.77 1.10	1.34 0.93	0.93 1.10	0.77 0.92	0.19 1.08	0.20 0.92	-0.57 1.09
dd <sub>nkJAdd</sub>	<b>1.40</b> 0.68*	1.22 0.80	0.99 0.67	0.71 0.80	0.50 0.67	0.06 0.78	0.14 0.67	-0.42 0.79
g <sub>iD</sub>	-0.36 0.23	<b>-3.32</b> 0.28***	-0.36 0.23	<b>-3.25</b> 0.28***	<b>-0.56</b> 0.24*	<b>-3.26</b> 0.28***	<b>-0.62</b> 0.24**	<b>-3.19</b> 0.28***
g <sub>iJAaa</sub>	-0.36 0.23	<b>-3.32</b> 0.28***	-0.36 0.23	<b>-3.25</b> 0.28***	<b>-0.56</b> 0.24*	<b>-3.26</b> 0.28***	<b>-0.62</b> 0.24**	<b>-3.19</b> 0.28***
g <sub>iJAdd</sub>	-0.37 0.23	<b>-3.32</b> 0.28***	-0.36 0.23	<b>-3.25</b> 0.28***	<b>-0.56</b> 0.24*	<b>-3.26</b> 0.28***	<b>-0.62</b> 0.24**	<b>-3.19</b> 0.28***
h <sub>iD</sub>	-0.09 0.22	-0.49 0.27	0.01 0.22	-0.36 0.27	0.07 0.22	-0.26 0.26	0.08 0.22	-0.22 0.26
d <sub>iJAaa</sub>	-0.09 0.22	-0.49 0.27	0.01 0.22	-0.36 0.27	0.07 0.22	-0.26 0.26	0.08 0.22	-0.22 0.26
d <sub>iJAdd</sub>	-0.14 0.24	-0.53 0.29	-0.04 0.24	-0.39 0.29	0.06 0.24	-0.25 0.28	0.08 0.24	-0.20 0.28

+: 0.05 ≤ p < 0.10; \*: 0.01 ≤ p < 0.05; \*\*: 0.001 ≤ p < 0.01; \*\*\*: p < 0.001; Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

## Anzahl Nachkommen



**Abb. 4.20: Kreuzungsparameter für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier bzw. metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.20: Crossbreeding parameter estimates for the number of progeny per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum in % of the LS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)

#### **4.4.3.3 LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleiche für das Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum**

Das Gesamtgewicht der Nachkommen wird - wie die Nachkommenzahlen - im wesentlichen durch nicht erfassbare Umwelteffekte bestimmt. Das Bestimmtheitsmaß für die auf das Muttertier bezogenen Gesamtgewichte variiert zwischen 7.2% (Mastende) und 12.05% (Absetzen), beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht zwischen 11.9% (Geburt) und 18.8% (Absetzen). Die Effekte Zuchtgruppe und Jahr-Saison sind für alle untersuchten Merkmale signifikant (siehe Anhang Tab. A10). Die Anzahl und Zuchtgruppenzugehörigkeit der auf Grund von Gesamtverlusten nicht berücksichtigten Tiere wurde bereits bei den Nachkommenzahlen (Punkt 4.4.3.1) beschrieben.

Die LS-Zuchtgruppenmittelwerte für das Gesamtgewicht der lebend geborenen Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr, die in der Tabelle 4.30 und in der Abbildung 4.21 dargestellt sind, variieren zwischen 623.7 und 790.2 g, wobei die Spannweite 0.73 phänotypischen Standardabweichungen entspricht. Wenn auch die Schätzwerte verschiedener Zuchtgruppen so ungenau sind, dass sie sich kaum untereinander unterscheiden, so ist doch die Tendenz zu höheren Gesamtgewichten bei Müttern mit 50% und mehr peruanischem Genanteil zu erkennen. Das Gesamtgewicht der geborenen Jungtiere der peruanischen Reinzuchtlinie (758.5 g) ist deutlich dem der bolivianischen (665.2 g) überlegen.

Beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht sind die Tendenzen noch stärker ausgeprägt, jedoch in umgekehrter Richtung. Dies zeigt gleichzeitig die generelle Bedeutung einer ex ante Festlegung „richtiger“ Leistungskriterien für die Formulierung von Zuchtstrategien. Die höchsten Gesamtgewichte der Nachkommen erreichen bolivianische Reinzuchtmütter, peruanische die niedrigsten. Die obere und untere Grenze der Spannweite, die ca. 1 phänotypische Standardabweichung auseinanderliegen, wird durch die Anpaarungen zur reziproken F1 repräsentiert (PPxBB:  $928.9 \text{ kg} \cdot 1000/\text{kg}^{0.75}$ ; BBxPP:  $676.6 \text{ kg} \cdot 1000/\text{kg}^{0.75}$ ). Die Zuchtgruppen mit Kreuzungsmüttern nehmen eine mittlere Position ein, die sich im großen und ganzen nicht signifikant voneinander unterscheiden.

Bei den Gesamtgewichten beim Absetzen pro Muttertier gibt es nur wenige Zuchtgruppen, die sich signifikant voneinander unterscheiden. Dazu gehören u.a. die beiden Reinzuchtlinien, wobei die peruanische ein Gesamtabsetzgewicht von 1198 g erreicht, die bolivianische eines von 1110 g.

Dem Genotyp des Paarungspartners scheint insgesamt mehr Bedeutung als bei der Geburt zuzukommen, auch dürften nicht erfassbare Umwelteffekte während der Aufzuchtphase eine nicht zu vernachlässigende Rolle spielen. Eine klare Rangierung des Gesamtgewichts der abgesetzten Nachkommen nach dem Genanteil von Zuchtgruppen ist nicht zu erkennen.

Wird das Gesamtgewicht der abgesetzten Nachkommen auf das metabolische Muttergewicht bezogen, so ist eine klare Tendenz zu höheren Gewichten bei Müttern mit einem niedrigen peruanischen Genanteil, die mit peruanischen Vätern angepaart werden, und umgekehrt zu erkennen. Die Zuchtgruppe PPxBB erbringt die höchsten Gesamtabsetzgewichte ( $1706 \text{ kg} \cdot 1000/\text{kg}^{0.75}$ ), die Zuchtgruppe BBxPP die niedrigsten ( $1706 \text{ kg} \cdot 1000/\text{kg}^{0.75}$ ), wobei die Spannweite bei 1.24 SD liegt. Die Leistung der bolivianischen Reinzuchtlinie ( $1533 \text{ kg} \cdot 1000/\text{kg}^{0.75}$ ) rangiert an zweiter Stelle und übertrifft deutlich die Leistung der Rotationsmütter mit peruanischem Paarungspartner, was im wesentlichen durch die überragenden Wurfabsetzgrößen bedingt ist. Die peruanische Reinzuchtlinie rangiert an zweitletzter Stelle, d.h. das hohe metabolische Körpergewicht peruanischer Mütter überkompensiert bei weitem das beim Bezug auf das Muttertier erreichte Gesamtabsetzgewicht der Nachkommen. Zwischen den ein-

zelnen Rotationsgruppen können keine signifikanten Unterschiede festgestellt werden, jedoch eine Tendenz zu höheren Gewichten bei den Rotationen mit peruanischem Bock. Die Synthetics nehmen eine mittlere Position ein.

Das Gesamtgewicht der ausgemästeten Nachkommen pro Muttertier ist bei den Paarungstypen mit 50% und mehr peruanischem Genanteil tendenziell höher als bei den mehr bolivianisch geprägten. Die peruanischen Rückkreuzungsgruppen erreichen mit 3856 g die höchsten Gewichte, das der peruanischen Reinzuchtlinie von 3428 g unterscheidet sich davon nicht signifikant. Auch nicht von dem der bolivianischen Reinzuchtlinie, bei der die ausgemästeten Nachkommen ein Gesamtgewicht von 3029 g erreichen. Zwischen den einzelnen Rotationsgruppen und den Synthetics sind keine statistisch gesicherten Unterschiede nachzuweisen.

Mit dem Bezug auf das metabolische Körpergewicht nehmen die Zuchtgruppen PPxBB (5064 kg\*1000/kg<sup>0.75</sup>) und BBxPP (3047 kg\*1000/kg<sup>0.75</sup>) wiederum die äußersten Positionen ein, wobei die Spannweite sich auf 1.36 SD erweitert hat. Die peruanische Rückkreuzung (PPxF1), die sich nicht signifikant von PPxBB unterscheidet, liegt mit 4457 kg\*1000/kg<sup>0.75</sup> an zweiter Stelle. Wie zuvor bereits erwähnt, beruhen die Zuchtgruppenmittelwerte der Rückkreuzungen auf einem recht niedrigen Stichprobenumfang von 40 bis 50 Tieren je Zuchtgruppe, so dass insbesondere bei diesen mit zufälligen Abweichungen gerechnet werden muss. Ein Vergleich der beiden Reinzuchtlinien zeigt eine deutliche Überlegenheit der bolivianischen (4168 kg\*1000/kg<sup>0.75</sup>) gegenüber der peruanischen (3399.2 kg\*1000/kg<sup>0.75</sup>). Der Unterschied zwischen den reziproken Rotationen, der sich beim Absetzen tendenziell angedeutet hatte, ist am Mastende signifikant zu Gunsten der RotB-Mütter, die mit peruanischen Böcken angepaart werden. Die Synthetics liegen in ihrer Leistung dazwischen.

Eine Bewertung der einzelnen Zuchtgruppen bzw. Zuchtsysteme nach dem Gesamtgewicht der Nachkommen bei der Geburt spiegelt in erster Linie den Genotyp der Mutter wider. Beim Absetzen scheint es eher zufällig zu sein, welche Bedeutung dem Genotyp der Nachkommen zukommt. Erst nach der Aufzuchtphase kommt dieser in vollem Ausmaß zum Tragen (siehe Punkt 4.1.4). Unter den gegebenen Umweltbedingungen erreicht nicht nur die peruanische Reinzuchtlinie die höchsten Nachkommengewichte beim Absetzen und am Mastende, sondern auch die Einfachkreuzung bolivianischer Mütter mit peruanischen Böcken, die peruanischen Rückkreuzungen und die F1xF1.

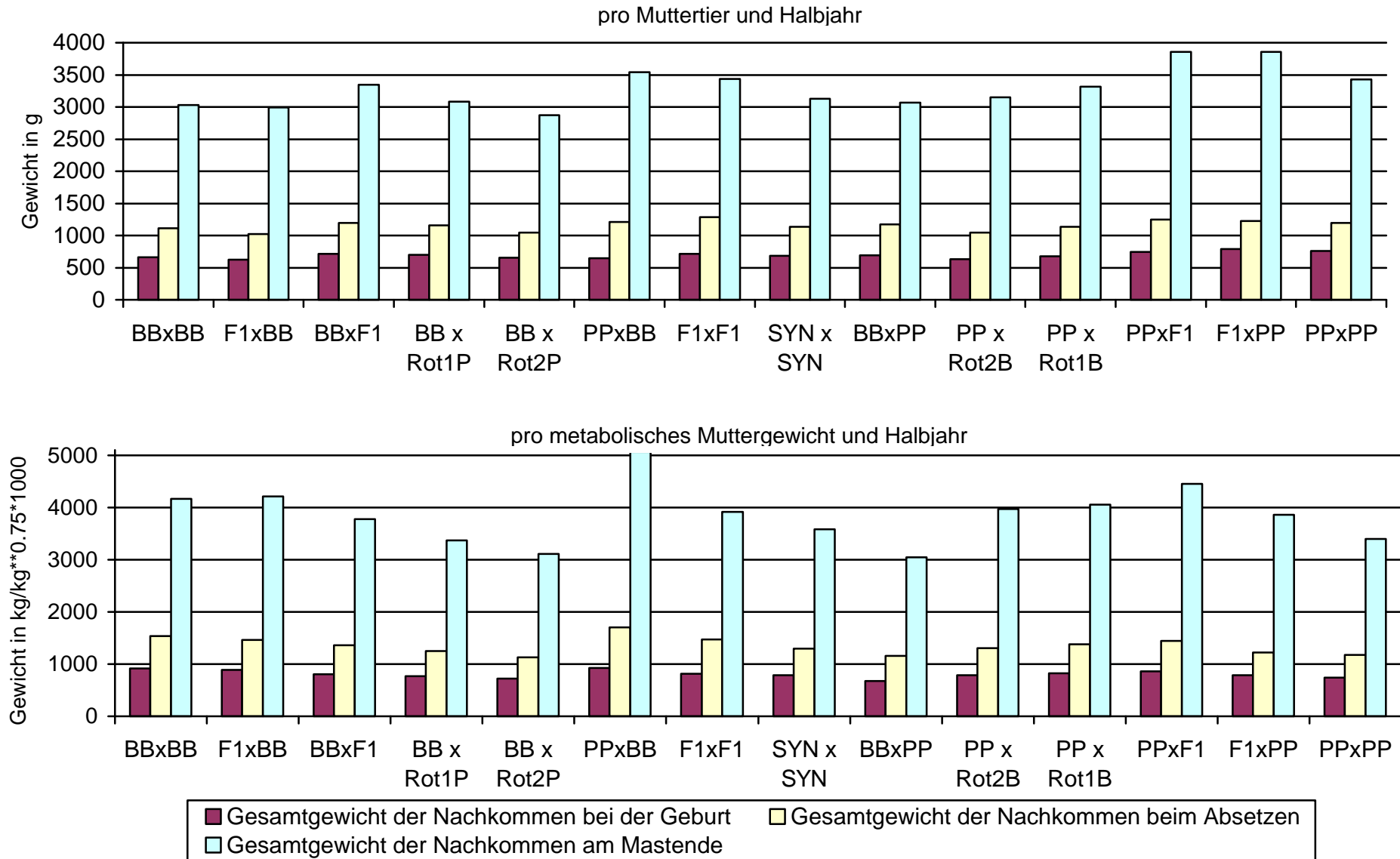
Der Bezug auf das metabolische Muttergewicht stellt eine Standardisierung der Futterkosten der Zuchttiere dar, die beim Bezug auf das Muttertier nicht berücksichtigt sind. Werden diese bei der Effizienzberechnung von Kreuzungssystemen miteinbezogen, rangiert die oben genannte Einfachkreuzung (PPxBB) zusammen mit der peruanischen Rückkreuzung (PPxF1) an erster Stelle. Es folgt die bolivianische Reinzuchtlinie zusammen mit der Rückkreuzung F1xBB. Die Leistungen der kontinuierlichen Kreuzungssysteme Rotationen und Synthetics sind vergleichbar.



**Tab. 4.30: LS-Zuchtgruppenmittelwerte und Standardfehler für Gesamtleistungsmerkmale: Gewicht der Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr [g] sowie pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr [kg / kg<sup>0.75</sup> \*1000] von der Gebut bis 84 Tage post partum. Table 4.30: LS breeding group means for productivity traits: Progeny weight per dam [g] and per metabolic dam weight [kg / kg<sup>0.75</sup> \*1000] in the first half year of production from birth to 84 days post partum**

Zucht- gruppe	Gesamtgewicht der Nachkommen bei der Geburt		Gesamtgewicht der Nachkommen beim Absetzen		Gesamtgewicht der Nachkommen 84 Tage post partum	
	pro Muttertier und Halbjahr	pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr	pro Muttertier und Halbjahr	pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr	pro Muttertier und Halbjahr	pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr
	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.	LSM S.E.
BBxBB	665.2 19.3 abc	916.7 21.1 f	1109.6 34.5 abcd	1532.7 37.9 g	3028.9 113.5 ac	4168.2 127.5 ef
F1xBB	623.7 39.7 a	888.3 43.0 ef	1020.0 71.9 a	1462.5 78.2 efg	2990.9 229.9 ab	4211.7 256.0 ef
BBxF1	711.2 38.1 abcde	801.1 41.4 bcde	1198.9 69.0 bcde	1362.1 75.1 cdef	3349.0 222.7 abcd	3780.7 248.0 bcde
BBxRot1P	700.9 28.4 abcde	764.2 30.9 bcd	1154.3 50.9 abcde	1252.8 55.7 abcd	3083.2 169.8 ab	3367.5 190.0 abc
BBxRot2P	656.8 30.7 abc	719.3 33.2 ab	1042.6 54.9 ab	1132.1 59.7 a	2875.9 178.4 a	3108.4 198.8 ab
PPxBB	643.7 31.2 ab	928.9 33.8 f	1208.5 58.5 cde	1705.9 63.7 h	3543.0 193.3 cde	5063.5 215.4 g
F1xF1	717.2 31.8 bcde	817.0 34.5 bcde	1285.0 57.5 e	1470.4 62.6 fg	3438.2 185.6 bcde	3918.2 206.8 cde
SYNxSYN	684.4 21.6 abc	787.4 23.5 cde	1133.5 38.9 abcde	1292.6 42.5 bcde	3127.1 128.7 abc	3581.6 143.7 cd
BBxPP	691.2 28.7 abcd	676.6 31.2 a	1169.2 51.8 abcde	1155.6 56.4 a	3064.6 169.6 ab	3046.5 189.1 a
PPxRot2B	629.0 33.5 ab	785.1 36.4 bcde	1048.6 60.5 abc	1302.5 65.8 bcdef	3152.9 196.6 abc	3969.2 219.0 def
PPxRot1B	675.3 28.4 abc	824.1 31.0 de	1137.1 51.2 abcde	1379.1 56.0 cdef	3317.7 171.2 abcde	4052.3 191.5 ef
PPxF1	746.6 39.3 cde	862.4 42.7 def	1251.3 70.6 de	1447.6 76.8 defg	3855.7 227.8 de	4456.6 253.8 fg
F1xPP	790.2 37.8 e	785.9 41.0 bcd	1228.1 68.0 bcde	1226.0 74.0 abc	3856.0 219.4 e	3860.0 244.4 cde
PPxPP	758.5 21.4 de	738.0 23.3 abc	1198.0 38.8 e	1171.3 42.3 ab	3427.6 129.6 bcde	3399.2 144.8 abcd

Werte mit unterschiedlichem Buchstaben innerhalb Spalte unterscheiden sich signifikant ( $p < 0.05$ ); Stichprobenumfang siehe Tab.3.21



#### **4.4.3.4 LS-Kreuzungsparameter für das Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr**

Das Bild der geschätzten Kreuzungsparameter für die Nachkommengewichte pro Muttertier sowie pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr ist geprägt von Liniendifferenzen auf individueller und auf der Nachkommenebene (siehe Tab. 4.31 und Abbildung 4.22).

Beim Gesamtgewicht bei der Geburt ist einzig der Genotyp der Mutter, d.h. die individuellen Linienunterschiede, von Bedeutung. Während diese beim Bezug auf das Muttertier positiv sind bei einem Ausmaß von ca. 12%, so erweist sich ein zunehmender peruanischer Genanteil der Mütter beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht in viel stärkerem Maße (-23%) als negativ.

Am Ende der Aufzuchtphase sind für das auf das Muttertier bezogene Gesamtgewicht der Nachkommen gar keine Kreuzungseffekte nachzuweisen. Mit dem Bezug auf das metabolische Muttergewicht verstärken sich die negativen Linienunterschiede auf individueller Ebene auf etwa -30%. Gleichzeitig deuten sich positive Linienunterschiede auf der Ebene der Nachkommen an, jedoch mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von ca. 8%.

Das Gesamtgewicht der Nachkommen am Mastende ist bezogen auf das Muttertier in erster Linie von den Liniendifferenzen auf der Nachkommenebene bestimmt. Diese erreichen ein Ausmaß von 22.7% des LS-Zuchtgruppenmittelwertes der bolivianischen Reinzuchtlinie. Weitere Kreuzungseffekte sind nicht nachzuweisen. Das auf das metabolische Muttergewicht bezogene Gesamtgewicht am Mastende wird von den individuellen Liniendifferenzen (ca. -40%), die gegenüber dem Absetzzeitpunkt um weitere 10% zugenommen haben, bestimmt. Die Linienunterschiede auf der Nachkommenebene sind positiv und hochsignifikant bei einem Ausmaß von 23.3%.

Den Ergebnissen zufolge kommt der Genotyp der Nachkommen in Form der Linienunterschiede erst nach dem Absetzen zum Ausdruck und zwar sowohl beim Bezug auf das Muttertier als auch auf das metabolische Muttergewicht. Da die Liniendifferenzen auf individueller Ebene nicht signifikant (Bezug auf das Muttertier) oder negativ (Bezug auf das metabolische Muttergewicht) sind, bedeutet dies eine Erhöhung des Gesamtgewichts der Nachkommen mit zunehmendem peruanischen Genanteil des männlichen Paarungspartners während der Mast.

Die Bedeutung der Wahl des „richtigen“ Leistungskriteriums für die Formulierung von Zuchtstrategien kommt hier durch den deutlichen Unterschied zwischen den beiden Bezugsebenen in Form der geschätzten Linienunterschieden auf individueller Ebene zum Ausdruck. Beim Bezug auf das Muttertier sind sie nicht nachzuweisen; beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht sind sie die bestimmenden Kreuzungseffekte von der Geburt bis zum Mastende.

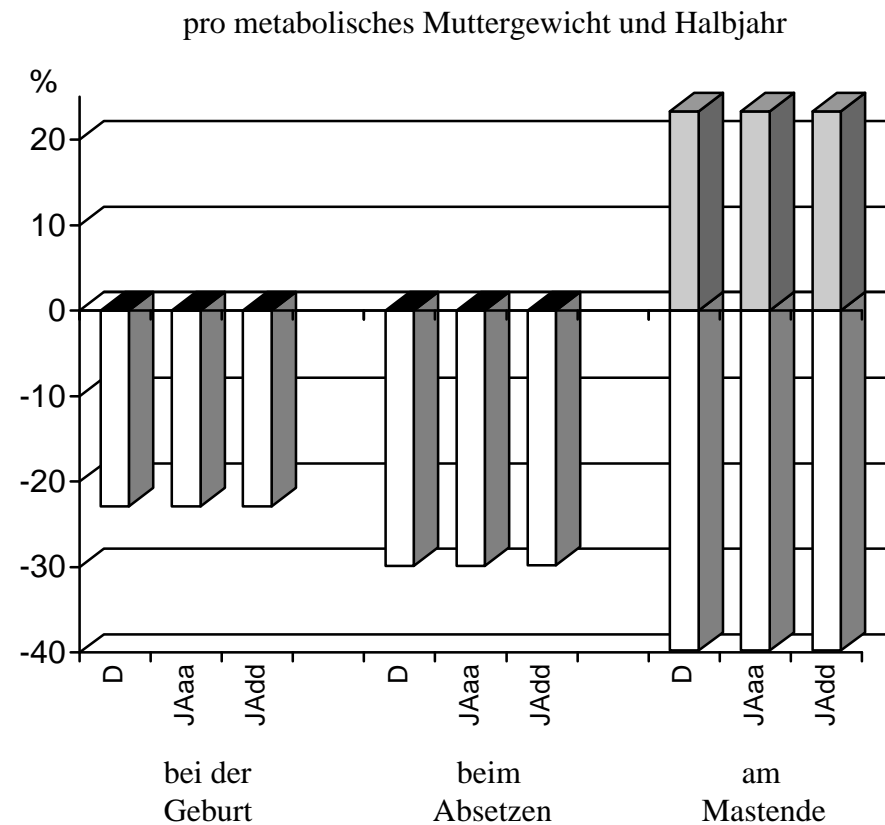
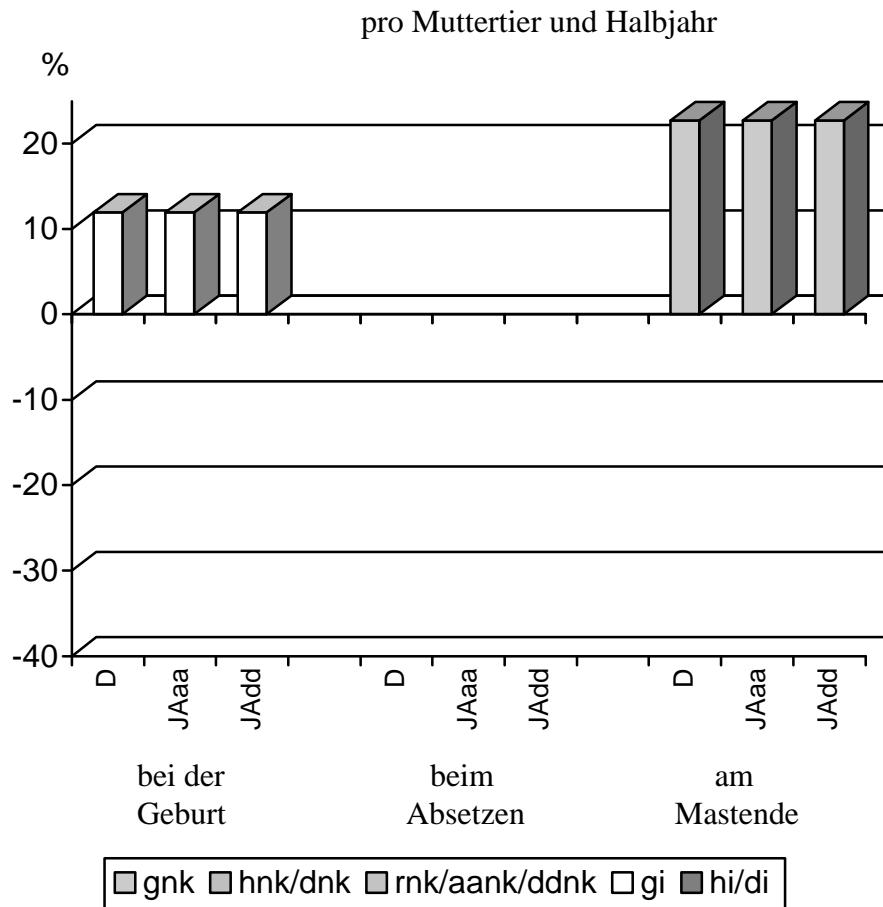
Nach dem Kriterium des Nachkommengewichts pro Muttertier am Mastende, wäre auf der Basis der geschätzten Kreuzungsparameter (ausschließlich positive Linienunterschiede auf der Nachkommenebene) die peruanische Reinzucht das optimale Zuchtsystem; nach dem Kriterium des Nachkommengewichts pro metabolisches Muttergewicht (sehr hohe negative individuelle Liniendifferenzen und positive Differenzen auf der Nachkommenebene) die Einfachkreuzung PPxBB.

**Tab. 4.31: LS-Kreuzungsparameter und Standardfehler für Gesamtleistungsmerkmale: Gewicht der Nachkommen pro Muttertier und Halbjahr [g] sowie pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr [kg / kg<sup>0.75</sup> \*1000] von der Geburt bis 84 Tage post partum. Table 4.31: Crossbreeding parameter estimates and standard errors for productivity traits: Progeny weight per dam [g] and per metabolic dam weight [kg / kg<sup>0.75</sup> \*1000] in the first half year of production from birth to 84 days post partum**

Kreuzungs- parameter	Gesamtgewicht der Nachkommen bei der Geburt		Gesamtgewicht der Nachkommen beim Absetzen		Gesamtgewicht der Nachkommen 84 Tage post partum	
	pro Muttertier und Halbjahr	pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr	pro Muttertier und Halbjahr	pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr	pro Muttertier und Halbjahr	pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr
LSM BBxBB	665.2 S.E.	916.7 S.E.	1109.9 S.E.	1532.7 S.E.	3028.9 S.E.	4168.2 S.E.
g <sub>nkD</sub>	20.2 28.2	39.1 30.6	59.2 51.1	<b>97.3</b> 55.7+	<b>688.6</b> 169.6***	<b>971.8</b> 189.1***
g <sub>nkJAaa</sub>	20.2 28.2	39.1 30.6	59.2 51.1	<b>97.3</b> 55.7+	<b>688.6</b> 169.6***	<b>971.8</b> 189.1***
g <sub>nkJAdd</sub>	20.2 28.2	39.1 30.6	60.5 51.1	<b>98.7</b> 55.7+	<b>688.6</b> 169.7***	<b>972.6</b> 189.1***
h <sub>nkD</sub>	<b>-56.8</b> 30.7+	-35.0 33.4	-3.5 55.9	42.9 61.0	10.8 182.6	204.3 204.1
d <sub>nkJAaa</sub>	-69.9 51.3	-34.0 55.7	34.5 92.9	55.7 101.2	77.7 307.5	482.3 342.6
d <sub>nkJAdd</sub>	-74.0 70.3	-35.0 76.2	24.5 127.2	140.0 138.5	99.8 420.0	609.4 468.0
r <sub>nkD</sub>	13.1 46.7	-1.1 50.7	31.0 84.0	-12.9 91.6	-66.9 276.7	-278.0 308.5
aa <sub>nkJAaa</sub>	26.2 93.5	-2.1 101.5	62.1 168.1	-25.7 183.1	-133.8 553.3	-556.0 617.0
dd <sub>nkJAdd</sub>	16.8 67.9	0.1 73.7	-33.5 122.2	-102.2 133.2	-87.1 401.3	-399.3 447.6
g <sub>iD</sub>	<b>79.2</b> 23.6***	<b>-210.0</b> 25.6***	30.8 43.0	<b>-457.1</b> 46.8***	-206.4 141.4	<b>-1657.6</b> 157.5***
g <sub>iJAaa</sub>	<b>79.2</b> 23.6***	<b>-210.0</b> 25.6***	30.8 43.0	<b>-457.1</b> 46.8***	-206.4 141.4	<b>-1657.6</b> 157.5***
g <sub>iJAdd</sub>	<b>79.2</b> 23.6***	<b>-210.0</b> 25.6***	31.2 43.0	<b>-456.7</b> 46.8***	-206.5 141.4	<b>-1657.8</b> 157.5***
h <sub>iD</sub>	8.3 22.5	-15.2 24.4	33.9 40.5	-5.2 44.1	65.6 132.1	-42.3 147.3
d <sub>iJAaa</sub>	8.3 22.5	-15.2 24.4	33.9 40.5	-5.2 44.1	65.6 132.1	-42.3 147.3
d <sub>iJAdd</sub>	7.9 24.3	-15.5 26.3	49.5 43.7	14.1 47.5	67.5 142.0	-26.3 158.2

+: 0.05 ≤ p < 0.10; \*: 0.01 ≤ p < 0.05; \*\*: 0.001 ≤ p < 0.01; \*\*\*: p < 0.001; Erläuterung der Kreuzungsparameter, siehe Punkt 3.5

## Gesamtgewicht der Nachkommen



**Abb. 4.22: Kreuzungsparameter für das Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis 84 Tage post partum in % des LS-Mittelwerts der bolivianischen Reinzuchtlinie.** *Figure 4.22: Crossbreeding parameter estimates for the progeny weight per dam and per metabolic dam weight in the first half year of production from birth to 84 days post partum in % of the LS mean of the Bolivian line*

nur signifikante ( $p < 0.05$ ) Schätzwerte; D: Dickerson-Modell; JAaa: Jakubec-Modell aa; JAdd: Jakubec-Modell dd (siehe Punkt 3.5)

## 5 Diskussion

### 5.1 Genetische Modelle und Parameterauswahl

Wie aus der Beschreibung der genetischen Modelle (siehe Punkt 3.5) deutlich wird, ist auch bei den allgemeinen Epistasiemodellen eine Berücksichtigung mehrerer Generationsebenen möglich. Um das theoretische Modell für die Tierzucht praktisch anwendbar zu machen, muss eine Restriktion erfolgen, die die Anzahl der Parameter so reduziert, dass diese auch schätzbar sind. Die Anzahl der Parameter darf die Anzahl der verfügbaren Zuchtgruppen, die sich aus einer linear voneinander unabhängigen Kreuzungsparameterkombination zusammensetzen, nicht überschreiten.

Jedoch bedeutet die theoretische Schätzbarkeit von Kreuzungseffekten nicht, dass diese auch mit den konventionellen unverzerrten statistischen Verfahren, d.h. per multipler Regression, geschätzt werden können. Wie unter Punkt 3.5.3 eingehend beschrieben wurde, kann bei einer gewissen Anzahl und / oder Kombination von Parametern Multikollinearität dazu führen, dass die Schätzwerte, wie HOERL & KENNARD (1970a) es ausdrücken, keinen Sinn machen. Auch die Datenstruktur spielt dabei eine wichtige Rolle. So sind z.B. die von KINGHORN (1987a) geschätzten Kreuzungseffekte für die Kreuzungen zwischen den Inzuchtlinien von WRIGHT (1922b) (negative Dominanzeffekte und doppelt so hohe positive Additiv x Additiv-Interaktionen) nicht plausibel und nicht mit der Interpretation von WRIGHT (1922b) vereinbar (siehe Punkt 2.3). Die hohe Korrelation zwischen den geschätzten Dominanzeffekten und Additiv x Additiv-Interaktionen (KINGHORN, 1987a) sind ein deutliches Anzeichen für ein Multikollinearitätsproblem. KINGHORN schreibt bezüglich der Interpretation dieser Ergebnisse in einer persönlichen Mitteilung:

„Without a history of selection in this divergence between lines, there is little (less) reason to feel that favourable epistatic relationships were being specifically generated within these lines, as a deviation from the base - and therefore no reason to have an expected direction of epistasis upon crossing. .... Co-linearity between non-additive effects can give unusual results - as shown in my mouse paper (1983).“

Eine Optimierung des Versuchsdesigns wie z.B. nach SÖLKNER & JAMES (1990a,c), das auch den Aspekt der Multikollinearität mitberücksichtigt (siehe Punkt 2.2.1), kann wesentlich zum Erfolg des Experiments beitragen. Bei nicht-optimierten Kreuzungsversuchen - wie es in der vorliegenden Arbeit der Fall ist - kann eine Multikollinearitätsdiagnostik über kritische Parameterkombinationen Aufschluss geben.

In der vorliegenden Arbeit geht es in erster Linie darum, die wichtigsten Kreuzungseffekte unter nicht-optimalen Versuchsbedingungen (Feldbedingungen) zu schätzen, um daraus Empfehlungen für die Landeszucht ableiten zu können. Theoretisch können nach dem allgemeinen Jakubec-Modell zwölf der 20 auf vier Ebenen (individuell, maternal, paternal und grandmaternal) beschriebenen Geneffekte geschätzt werden und nach dem Dickerson-Modell acht von insgesamt 12. Bei einer theoretisch orientierten Untersuchung unter konstanten Umweltbedingungen könnte ein verzerrtes Schätzverfahren dazu beitragen, brauchbare Schätzwerte für sämtliche schätzbaren Kreuzungseffekte zu erhalten. Für die vorliegende praxisorientierte Untersuchung wurde eine Parameterauswahl nach der zu erwartenden Bedeutung der einzelnen Effekte getroffen (siehe Punkt 3.5.3.2).

Die vorgenommene Auswahl der fünf Parameter pro genetisches Modell mit jeweils einem epistatischen Effekt  $e$  ( $g_i$ ,  $d_i$ ,  $e_i$ ,  $g_m$ ,  $d_m$  bzw.  $g_{nk}$ ,  $d_{nk}$ ,  $e_{nk}$ ,  $g_i$ ,  $d_i$ ) hat sich als sehr effizient erwiesen

sowohl was die Beschränkung der Multikollinearität betrifft als auch die Beschreibung der jeweiligen Genotypen durch die durchschnittlich erwarteten Kreuzungsparameter (vergleichbare Bestimmtheitsmaße).

Die Effizienz der drei genetischen Modelle (Dickerson-Modell, Jakubec-Modell aa und Jakubec-Modell dd) ist nach dem Bestimmtheitsmaß zu urteilen gleich. Die Schätzwerte für die additiven Linienunterschiede und die Dominanzeffekte auf maternaler (Gewichts- und Wachstumsmerkmale) bzw. individueller Ebene (Reproduktion und Gesamtproduktivität) stimmen bei allen drei genetischen Modellen überein. Bei den Dominanz- und Epistasieschätzwerten auf einer Ebene gibt es zum Teil Differenzen zwischen den genetischen Modellen.

Vor allem bei den Gewichts- und Wachstumsmerkmalen im 1. Wurf sind die Schätzwerte für die Dominanzeffekte auf individueller Ebene je nach genetischem Modell in der Richtung und Signifikanz verschieden. Was die epistatischen Effekte betrifft, so stimmen die drei genetischen Modelle darin überein, dass solche nur bei sehr wenigen Merkmalen nachzuweisen sind. Es handelt sich dabei um das Geburtsgewicht, die Zunahme zwischen Geburt und Absetzen im 1. Wurf, die Zunahme zwischen Mastmitte und Mastende im 1. Wurf sowie um das Komplexmerkmal der Anzahl geborener Jungtiere pro Muttertier und Halbjahr. Mit Ausnahme des Geburtsgewichts sind die epistatischen Effekte nach allen drei Modellen signifikant und gleich gerichtet, aber im Ausmaß verschieden.

Es ist schwierig, zu beurteilen, welchem Modell bzw. welcher Interpretation in solchen Fällen der Vorzug gegeben werden soll. Das Bestimmtheitsmaß ist bei den drei Modellen vergleichbar, so dass dieses als Entscheidungskriterium ausgeschlossen werden muss.

Nach der Multikollinearitätsdiagnostik zu urteilen (siehe Punkt 3.5.3) könnte Multikollinearität nur beim Jakubec-Modell, das Dominanz x Dominanz-Interaktionen als epistatischen Effekt berücksichtigt, eine gewisse Rolle spielen. Betroffen davon wären die Schätzwerte für die Dominanzeffekte und Dominanz x Dominanz-Interaktionen auf einer Ebene. Dies ließe sich jedoch nur an Hand eines verzerrten Schätzverfahrens nachweisen, da eindeutige Hinweise, wie z.B. stark überhöhte Schätzwerte mit sehr hohen Standardfehlern, nicht vorliegen. Das Dickerson-Modell ist bei der gegebenen Datenstruktur und Parameterauswahl am robustesten gegenüber Multikollinearität.

Betrachtet man die Definition der epistatischen Effekte, so ist die Formulierung des Rekombinationsverlustes, wie HILL (1981, 1982) klar darstellt, fragwürdig. Auch bei den allgemeinen Epistasie-Modellen ist eine eindeutige Interpretation der geschätzten epistatischen Effekte auf Grund der verschiedenen Reparametrisierungsoptionen nicht möglich (vgl. WOLF et al., 1995), siehe Punkt 2.1.1. Alle drei Modelle geben jedoch gleichermaßen Aufschluss darüber, ob epistatische Effekte überhaupt von Bedeutung sind.

Zur Beurteilung der Fälle mit je nach Modell stark voneinander abweichenden Dominanzschätzwerten für ein Merkmal müssen sämtliche Informationen inkl. der spezifischen Umweltverhältnisse herangezogen werden. Im Zweifelsfall zählt insbesondere die Tendenz der Mehrzahl der genetischen Modelle.

## **5.2    *Evaluierung der verschiedenen Zuchtgruppen und Kreuzungsparameter***

Die Entwicklung beim Meerschweinchen kann in drei Phasen eingeteilt werden: Zum einen in die Phase von der Anpaarung bis zum Wurf mit der pränatalen Entwicklung, deren Resultat die Anzahl der geborenen Jungtiere mit ihrem entsprechenden Geburtsgewicht darstellt, die Aufzuchtphase, sowie die Mastphase, die in eine Vor- und Endmast gegliedert werden kann. Im folgenden soll die Entwicklung in den einzelnen Phasen diskutiert werden.

### 5.2.1 Anpaarung bis zur Geburt des Wurfes

Die Geburt eines Wurfes kann als Resultat einer erfolgreichen Anpaarung und einer normalen embryonalen Entwicklung betrachtet werden, was in Form der Wurfrate zum Ausdruck kommt. Diese ist im 1. Wurf mit durchschnittlich 96% recht hoch, wobei eher Jahr-Saison-Effekte als Zuchtgruppenunterschiede eine Rolle spielen dürften. Die Mortalität der Zuchttiere (<1%) ist dabei relativ unbedeutend. Im 2. Wurf erbringen im Durchschnitt ca. 90% der angepaarten Weibchen einen Wurf. Während die Wurfrate bei Anpaarungen mit bolivianischen Reinzucht- oder Kreuzungsweibchen in etwa vergleichbar ist (90-98%) und die Variation eher auf Umwelteffekten beruht, so ist bei den peruanischen Reinzuchtmüttern ein deutlicher Einbruch in der Fruchtbarkeit zu erkennen. Nur 75% der mit bolivianischen Böcken angepaarten peruanischen Weibchen haben einen zweiten Wurf, die Wurfrate der peruanischen Reinzuchtlinie liegt bei ca. 80%. Zweifellos spielt der Gesundheitszustand der Tiere bei der Anpaarung, die beim 2. Wurf dem Geburtsdatum beim 1. Wurf entspricht, eine bedeutende Rolle. Dies kommt vor allem dadurch zum Ausdruck, dass die geringe Wurfrate der peruanischen Reinzuchtweibchen zur Hälfte durch eine erhöhte Mortalität bedingt ist.

Wie bereits bei den Ergebnissen mehrmals angedeutet, war insbesondere die peruanische Reinzuchtlinie bei der Geburt des 1. Wurfes (Anpaarung zum 2. Wurf) in den Monaten April und Mai 1993 von einem erhöhten Krankheitsdruck betroffen, der bei dieser Linie jedoch noch als tolerierbar betrachtet wurde. Da die Auswirkungen auf die von SÖLKNER (1993b) optimierten Zusatzanpaarungen II (F1xF1, BBxRot2P, PPxRot2B, F4xF4) noch bedeutend größer waren und diese daher von der Analyse ausgeschlossen wurden, kann nicht unbedingt auf eine höhere Krankheitsanfälligkeit per se bei der peruanischen Reinzuchtlinie geschlossen werden.

Die Wurfraten der Basispopulationen (VALLE ZARATE et al., 1994) in den ersten beiden Würfen entsprechen den vorliegenden Ergebnissen: Die bolivianische Linie kann bis zum 2. Wurf ihre hohe Fruchtbarkeit von über 90% aufrecht erhalten, die Wurfrate der peruanischen sinkt beim 2. Wurf um ca. 10% gegenüber dem ersten. Im dritten Wurf erfolgt dann auch bei der bolivianischen Linie ein Rückgang der Wurfrate auf ca. 80% (peruanische Linie: ca. 70%), und im 4. auf knapp 50% (47.2%).

Es besteht der Eindruck, dass die Wurfrate den Gesundheitszustand bzw. die Fitness der Herde widerspiegelt. Während die peruanischen Meerschweinchen bereits nach bzw. mit dem 1. Wurf einen gewissen Erschöpfungszustand erreicht haben, so tritt dieser zwar auch bei den bolivianischen ein, jedoch erst einen Wurf später. Unter noch ungünstigeren Bedingungen, wobei die Unterscheidung Station - Feld (vgl. SABA, 1993) irreführend sein kann, da die Haltungsbedingungen im Feld z.T. besser als auf Station sein können, ist die Wurfrate der peruanischen Reinzuchtlinie bereits im 1. Wurf deutlich erniedrigt (vgl. SOLANO, 1993).

Theoretisch könnte sich der Fitnesszustand der Mütter, der vor dem 1. Wurf bei allen Linien recht gut ist, in einer entsprechend kürzeren Serviceperiode äußern. Tatsächlich ist das Intervall zwischen der ersten Anpaarung und dem 1. Wurf um durchschnittlich 4 Tage länger als die Zeit zwischen dem ersten und dem 2. Wurf, was auf die besonderen biologischen Eigenschaften des Meerschweinchens (Östrusinduktion durch den Bock bei der ersten Anpaarung und in der Regel erfolgreiche Paarungen beim post-partum-Östrus nach der Geburt des 1. Wurfes) zurückzuführen ist.

An Hand der Zuchtgruppenmittelwertvergleiche ist bei den Intervallen kein genetisch bedingter Unterschied zwischen Zuchtgruppen erkennbar. Die Ergebnisse der Kreuzungseffekte weisen in Form von deutlichen additiven Nachkommenunterschieden auf eine Verlängerung des Erstlingswurfintervalls durch den Einsatz von peruanischen Böcken hin, wobei sich gleichzeitig verkür-



zende Effekte durch heterozygote Nachkommen andeuten. Bei der Zwischenwurfzeit sind die Linienunterschiede sowohl auf der Nachkommen- als auch auf individueller Ebene signifikant. Demzufolge ist bei der peruanischen Reinzuchtlinie sowohl beim Erstlingswurfintervall als auch bei der Zwischenwurfzeit eine Verlängerung von bis zu 4 bzw. 4.5 Tagen im Vergleich zur bolivianischen zu erwarten, was durch die Mittelwertvergleiche jedoch nicht bestätigt werden kann. Eine etwas längere Trächtigkeitsdauer bei der peruanischen Linie ist jedoch denkbar. Da die auf Basis der Kreuzungseffekte geschätzte Verlängerung des Erstlingswurfintervalls und der Zwischenwurfzeit bei der peruanischen Linie in etwa gleich ist, kann daraus keine Schlussfolgerungen bezüglich der Kondition der Tiere abgeleitet werden.

Auch die Untersuchungen von SOLANO (1993), SABA (1993) und LIZECA (1997) deuten auf etwas verlängerte Intervalle bei der peruanischen Linie hin (siehe Punkt 2.3.1.8). Bei der Kreuzungsparameterschätzung von VALLE ZARATE (1996) ist nach dem Erstlingintervall (ohne jeglichen signifikanten Kreuzungseffekt) bei jeder Zwischenwurfzeit ein anderer Effekt signifikant (siehe Tab.2.11), wodurch es schwierig ist, irgendwelche Schlussfolgerungen zu ziehen.

Bei der vorliegenden Untersuchung der Wurf Frequenz als die Anzahl Würfe pro Muttertier und Zeiteinheit, bei der in der Analyse nur Tiere mit insgesamt zwei Würfen berücksichtigt wurden, spiegeln sich die nach der Kreuzungsparameterschätzung der Einzelintervalle erhaltenen Schätzwerte auch beim Zuchtgruppenmittelwertvergleich der beiden Reinzuchtlinien wider. Die Wurf Frequenz im ersten Produktionshalbjahr ist bei der bolivianischen Reinzuchtlinie mit 2.50 Würfen eine der höchsten, die erreicht wurde, und unterscheidet sich deutlich von der peruanischen, die mit 2.37 Würfen die untere Grenze darstellt. Dabei ist die Anzahl der Tiere, die im Untersuchungszeitraum nur einen Wurf erbrachten (besonders hoher Anteil peruanischer Reinzuchtmütter), nicht mitberücksichtigt.

Die Kreuzungsparameterschätzung entspricht im wesentlichen der der Zwischenwurfzeit, d.h. negative Linienunterschiede auf individueller und der Nachkommenebene sind nachzuweisen. Das Ausmaß mit jeweils -2.8% ist jedoch etwas niedriger. Nicht-additive Effekte konnten nicht nachgewiesen werden. Das genetische Modell von VALLE ZARATE (1996) umfasst nur die Linienunterschiede auf der Nachkommenebene und individuelle Dominanzeffekte. Die Linienunterschiede sind mit ca. -20% deutlich höher als in der vorliegenden Untersuchung, was u.a. auf dem längeren Bezugszeitraum (1 Jahr) beruhen kann. Auch handelt es sich um eine Betrachtung der Langzeitleistung (5 Würfe). Dies könnte bedeuten, dass die beiden Reinzuchtlinien in der Wurf Frequenz um so stärker divergieren, je mehr Würfe der Untersuchungszeitraum erfasst. Die individuellen Dominanzeffekte sind positiv (ca. 10%).

Bei den Kreuzungsversuchen mit den Inzuchtlinien von WRIGHT (1922b) wird die Wurf Frequenz im wesentlichen durch den Einsatz eines Kreuzungsbockes verkürzt, der Effekt der Kreuzungsmutter steht an zweiter Stelle, während dem Genotyp der Nachkommen keine Bedeutung zukommt.

Mit der Geburt der Nachkommen endet die pränatale Phase, von der sowohl die Wurfgröße als auch das Jungtiergewicht bei der Geburt bestimmt wird. Was die Wurfgröße (insgesamt und lebend) betrifft, so ist - ebenso wie bei den Reproduktionsintervallen - bei der Betrachtung der Zuchtgruppenmittelwerte kein genetisch bedingter Unterschied zwischen Zuchtgruppen weder im ersten noch im zweiten Wurf erkennbar. Auch stimmt die Wurfgröße beider Würfe insgesamt in etwa überein. Da nicht erfassbare Umweltbedingungen überwiegen und der Stichprobenumfang vor allem bei den Rückkreuzungsgruppen sehr gering ist, kann die Kreuzungsparameterschätzung zuverlässigere Ergebnisse liefern. Danach sind vor allem im ersten Wurf - und im 2. Wurf andeutungsweise - negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene signifikant. Es muss also bei der Verpaarung von extrem unterschiedlichen Genotypen, insbesondere der reziproken

F1, mit negativen Effekten auf die Wurfgröße in utero gerechnet werden, wenn es sich nicht um ein Artefakt handelt. Im zweiten Wurf sind vor allem negative Linienunterschiede auf der Nachkommenebene von Bedeutung, was i.a. einen negativen Einfluss peruanischer Väter bedeutet.

Die Ergebnisse von VALLE ZARATE (1996) können die negativen Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene nicht bestätigen, dies bedeutet jedoch nicht, dass solche nicht existieren. In weiteren Untersuchungen sollte dieses Phänomen genau überprüft werden. Falls diese Art „Inkompatibilität“ - sofern sie existiert - nicht physiologisch bedingt ist, könnte z.B. künstliche Besamung zu besseren Reproduktionserfolgen verhelfen. Eine Methodik der Brunstsynchronisation mit einer Erfolgsrate von ca. 92% wurde von FIEDLER (1992) entwickelt.

Nach VALLE ZARATE (1996) sind ebenfalls negative additive Nachkommeneffekte signifikant, jedoch nur in zwei von 5 Würfen (2. und 4. Wurf). Dem gegenüber stehen positive Linienunterschiede auf maternaler Ebene (1., 2. und 5. Wurf), wobei individuelle im entsprechenden Modell nicht berücksichtigt wurden.

Untersuchungen über die Wurfgröße der bolivianischen und der peruanischen Reinzuchtlinie unter verschiedenen Umweltbedingungen zeigen in etwa vergleichbare Wurfgrößen, wobei die Wurftrate zwischen den beiden Linien jedoch weit auseinanderliegen kann (vgl. SABA, 1993; SOLANO, 1993; VALLE ZARATE et al., 1994).

Allgemein wird in der Literatur über deutlich geringere Wurfgrößen bei nativen Herkünften im Vergleich zu peruanischen berichtet, bei reziproken Kreuzungen entspricht die Wurfgröße der der Mutterlinie (vgl. MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988; OLIVO sowie FUNDACION 4-F, zitiert nach CHAUCA, 1993a; ATEHORTUA & CAYCEDO, 1977). Eine Definition der jeweiligen Herkunft, der Stichprobenumfang, die Repräsentanz der ausgewählten Tiere, der Zeitraum der Untersuchung u.a. liegen jedoch selten vor. Es ist nicht unüblich, dass irgendwelche nativen Meerschweinchen für solche Untersuchungen auf dem Markt gekauft und anschließend auf Station getestet werden (z.B. CASTELLON, 1989; ALIAGA B., 1990), wobei die Vorgehensweise bei diesen beiden Autoren klar beschrieben ist und die Wurfgröße der nativen Tiere nicht niedriger als die von peruanischen erscheint (siehe Tab.2.9). Es ist jedoch auch denkbar, dass native und peruanische Meerschweinchen nicht einmal unter vergleichbaren Umweltbedingungen verglichen werden (peruanische auf Station - native im Feld unter widrigen Umweltbedingungen). Manche Literaturangaben sind daher sehr vorsichtig anzugehen, eine Studie der Originalarbeiten, wenn dies möglich sein sollte, ist unbedingt zu empfehlen.

Wie aus den Untersuchungen insbesondere von WRIGHT (1922b) und auch von CICOONA et al. (1994) deutlich wird, ist die Wurfgröße von ingezüchteten Müttern deutlich gegenüber der von Kontrolllinien oder Auszuchten verringert. Durch den Einsatz von Kreuzungsmüttern wird die ursprüngliche Wurfgröße wiederhergestellt, d.h. es sind Heterosiseffekte auf individueller Ebene wirksam (WRIGHT, 1922b).

Bei der vorliegenden Untersuchung sowie auch nach den Ergebnissen von VALLE ZARATE (1996), die auf derselben Basispopulation beruhen, konnten keinerlei Heterosiseffekte auf die Wurfgröße nachgewiesen werden. Hierbei ist im Auge zu behalten, dass es sich bei der bolivianischen Basispopulation um eine synthetische Linie bestehend aus 29 Herkünften handelt, die sich bei Abschluss der Untersuchungen erst in der 6. Inter-se-Kreuzungsgeneration befand und insofern ein für Reinzuchten relativ hohes Maß an Heterozygotie besitzen dürfte. Die peruanischen Basistiere stammen von verschiedenen Betrieben, so dass nicht unbedingt eine Verwandtschaftsbeziehung zwischen ihnen zu erwarten ist, dies aber auch nicht ausgeschlossen werden kann. Den Ergebnissen zufolge ist nicht davon auszugehen, dass sie ingezüchtet sind. Auf Grund des geringen Generationsintervalls, das bei intensiver Nutzung zwischen 6 und 7 Monaten liegt, könnte bei einem durchschnittlichen Inzuchtzuwachs von 0.5 bis 0.7% pro Generation in den

geschlossenen Reinzuchtpopulationen (siehe Punkt 3.2.4) Heterosis in späteren Generationen von Bedeutung sein.

Es muss jedoch auch der große Unterschied im Körpergewicht der beiden Linien im Auge behalten werden. In der Regel wird Heterosis bei Muttertieren durch Kreuzung von Rassen oder Linien vergleichbarer Körpergröße genutzt. Bei schweren Rassen, die meist als Vatertiere für Terminalkreuzungen eingesetzt werden, stehen Komplementaritätseffekte im Vordergrund.

Die Wurfgröße gehört zu den wichtigsten Faktoren, die das Geburtsgewicht bestimmen (z.B. WRIGHT, 1922a). Die Beziehung kann jedoch nur einseitig sein, da das Geburtsgewicht von der Anzahl der implantierten Blastozysten abhängt und nicht umgekehrt (VENGE, 1950). Auch das Wurfgewicht ist daher eine Funktion der Wurfgröße. Dieses steht in einer negativen Beziehung zur Trächtigkeitsdauer, da dem Autor zufolge hohe Wurfgewichte eine hohe Spannung im Uterus erzeugen, was zu einer verkürzten Trächtigkeitsdauer führt. Größere Föten, und folglich höhere Wurfgewichte, sind bis zu einem gewissen Grad durch eine längere Trächtigkeitsperiode bedingt.

Bei der vorliegenden Arbeit wurde beim Vergleich der Zuchtgruppenmittelwerte bzw. bei der Schätzung der Kreuzungsparameter auf eine Korrektur um die Wurfgröße verzichtet, da diese und deren Variabilität als Charakteristikum der verschiedenen Zuchtgruppen begriffen wird. Ein Blick auf die spezifischen Wurfgrößen kann jedoch bei bestimmten Zuchtgruppen hilfreich hinsichtlich der Interpretation sein.

Die höchsten Geburtsgewichte sind in beiden Würfen bei Nachkommen peruanischer Mütter zu beobachten (115 bis 126 g). Dies gilt ebenso für die Wurfgewichte (325 bis 360 g), mit Ausnahme der Anpaarung BBxPP (280 g) im ersten Wurf, auf Grund der relativ niedrigen Wurfgröße. Die Jungtiere der bolivianischen Reinzuchtlinie haben im Zuchtgruppenvergleich die niedrigsten Geburtsgewichte (85 bis 90 g), steigen jedoch in Bezug auf die Wurfgewichte (ca. 270-280 g) um ein paar Stufen in der Rangfolge.

Die uterine Kapazität der bolivianischen Reinzuchtlinie ist zwar durch die geringere Körpergröße begrenzt, jedoch gelingt es den Tieren, bei der Anpaarung mit peruanischen Reinzuchtböcken im 1. Wurf Nachkommen hervorzubringen, die im Gewicht genau zwischen der bolivianischen und der peruanischen Reinzucht liegen. Im 2. Wurf hingegen entspricht das Geburtsgewicht dieser F1-Nachkommen dem der bolivianischen Reinzuchtlinie. Die Wurfgewichte - bei vergleichbarer Wurfgröße - entsprechen jedoch in beiden Würfen dem Niveau der bolivianischen Reinzuchtlinie.

Bei den Paarungstypen mit Kreuzungsmüttern ist sowohl das individuelle Nachkommengewicht als auch das Wurfgewicht in beiden Würfen in etwa vergleichbar. Die teilweise auftretenden Unterschiede zwischen Zuchtgruppen scheinen eher nicht genetisch bedingt zu sein, ebenso ist es möglich, dass genetische Unterschiede zwischen den Zuchtgruppen von nicht erfassbaren äußeren Effekten überlagert werden.

Eine überragende Bedeutung der uterinen Umwelt für die pränatale Entwicklung der Jungtiere deutet sich auch bei anderen Untersuchungen von nativen und peruanische Linien in Reinzucht und reziproker Kreuzung an (GARFIAS, 1993, zitiert nach RICO, 1993; CASTELLON, 1989; und MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988). Auch die Ergebnisse von GALINDO (1994), der keine signifikanten Unterschiede im Geburtsgewicht von Jungtieren der Rotation-1 und der F3 (37.5 bis 62.5% peruanischer Genanteil) fand, stehen im Einklang mit denen dieser Untersuchung (Paarungstypen mit Kreuzungsmüttern).

Die Untersuchung der Kreuzungsparameter kann weiteren Aufschluss über die genetischen Wirkungen bei den verschiedenen Kreuzungen geben. Beim Geburtsgewicht dominieren die Lini-

enunterschiede sowohl auf individueller als auch auf maternaler Ebene, wobei es von äußeren Einflüssen abhängt (hier in Form der Wurfnummer), welcher Komponente mehr Gewicht zukommt. In beiden Würfen liegen sie insgesamt bei 37% des Geburtsgewichts der bolivianischen Reinzuchtlinie.

Im ersten Wurf sind außerdem noch signifikante negative Dominanzunterschiede (4-6%) auf maternaler Ebene nachzuweisen, was eine begrenzte uterine Kapazität bei Kreuzungsmüttern im 1. Wurf bedeuten könnte. Da diese sich im zweiten Wurf nicht von null unterscheiden, könnte man annehmen, dass insbesondere die Kreuzungsmütter bis zur Geburt des ersten Wurfes noch nicht ganz ausgewachsen waren und damit ihre uterine Kapazität noch nicht voll entwickelt hatten.

Schließlich deuten sich noch negative epistatische Effekte auf individueller Ebene in beiden Würfen an, von denen sämtliche Kreuzungsnachkommen betroffen sind - auch die F1-Nachkommen. Der Dickerson'sche Rekombinationsverlust ist für diese zwar nicht definiert, dafür sind aber nur nach dem Dickerson-Modell negative Dominanzeffekte auf individueller Ebene von Bedeutung. Es wäre möglich, dass dieser Effekt auf einer beschränkten Uteruskapazität von Müttern beruhen könnte, bei denen der peruanische Genanteil geringer ist als der ihrer Nachkommen und diese daher ihr pränatales genetisches Wachstumsvermögen nicht ausschöpfen können (Extremfall: Zuchtgruppe PB).

Die Kreuzungsparameter für das Wurfgewicht entsprechen der Kombination der Effekte für die Wurfgröße und für das Jungtiergewicht. Es dominieren die Linienunterschiede in einem Gesamtausmaß von knapp 30% in beiden Würfen. Die Unterschiede haben sich also gegenüber dem Jungtiergewicht um 7% verringert. Außerdem könnten negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene (siehe Wurfgröße) von Bedeutung sein. Epistatische Effekte oder negative individuelle Dominanzeffekte sind beim Wurfgewicht nicht nachzuweisen.

Auch in den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) dominieren die Linienunterschiede sowohl für das individuelle Geburtsgewicht der Jungtiere als auch für das Wurfgewicht. Beim Jungtiergewicht sind sie mit insgesamt 25 bis 30% niedriger als bei der vorliegenden Untersuchung. Die Gesamtdifferenz von über 60% im 2. Wurf bei der Kreuzungsphase I bildet eher eine Ausnahme. Individuelle Epistasie- oder maternale Dominanzeffekte wurden bei diesen Untersuchungen nicht geschätzt (siehe Tab. 2.16). Die Schätzwerte für das Wurfgewicht hängen bei VALLE ZARATE (1996) in starkem Maße von ihrer Parameterauswahl in Form der angewendeten genetischen Modelle ab. Insgesamt herrschen jedoch auch hier die additiven Linienunterschiede mit einem Ausmaß von ca. 30 bis 50% vor (siehe Tab. 2.11).

Bei ingezüchteten Populationen erhöht sich das Geburtsgewicht der Nachkommen insbesondere durch den Einsatz von Kreuzungsmüttern, aber auch Heterozygotie in den Nachkommen kann sich positiv auf deren Geburtsgewicht auswirken (vgl. WRIGHT, 1922b, CICOONA et al., 1994). Das Ergebnis der Kreuzungsparameterschätzung an Hand Wright's Daten durch KINGHORN (1987a) soll hier auf Grund der unter 5.1 erwähnten Multikollinearitätsprobleme nicht weiter diskutiert werden.

Die zusammengefasste Betrachtung der sich in der pränatalen Phase ausprägenden Merkmale (Wurfrate, Intervalle zwischen Paarung und Wurf, Wurfgröße, Geburtsgewicht) ist in Form der Anzahl bzw. des Gewichts der geborenen Jungtiere pro Muttertier bzw. metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr möglich. Hierbei ist die bolivianische Reinzuchtlinie - trotz vergleichbarer Wurfgrößen in den Einzelwürfen - deutlich in der Nachkommenzahl pro Muttertier (7.32) und noch vielmehr beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht (10.11) der peruanischen (5.95 bzw. 5.82) überlegen. Die Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) bestätigen diesen Sachverhalt, nach denen von LIZECA (1997) verhält es sich genau umgekehrt.

Individuelle Linienunterschiede sind jedoch nur beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht (-33%) nachzuweisen.

Im Gesamtgewicht der Nachkommen pro Muttertier nimmt die peruanische Reinzuchtlinie mit den höchsten Rang ein, da die hohen Jungtiergewichte die verringerte Nachkommenzahl überkompensieren, wie auch in der Untersuchungen von LIZECA (1997) beobachtet wurde. Die Linienunterschiede haben sich jedoch im Vergleich zu den Wurfgewichten von knapp 30% auf ca. 12% um mehr als die Hälfte reduziert, wobei nur die individuellen signifikant sind. Beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht ( $g_i = -22.9\%$ ) sind sie doppelt so hoch, jedoch zu Gunsten der bolivianischen Reinzuchtlinie.

Tendenziell ist die Nachkommenzahl von Paarungstypen mit peruanischem Bock gegenüber denen mit bolivianischem etwas geringer, was sich in signifikanten negativen additiven Nachkommeneffekten sowohl beim Bezug auf das Muttertier als auch auf das metabolische Muttergewicht äußert. Bei den Nachkommengewichten hat sich dieser Effekt durch das höhere Gewicht von Nachkommen mit peruanischen Vätern neutralisiert.

Die negativen Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene kommen auch bei der Gesamtnachkommenzahl sowohl beim Bezug auf das Muttertier als auch auf das metabolische Muttergewicht zum Ausdruck, was die Erfordernis einer genaueren Untersuchung speziell dieses Effektes verstärkt.

Die Ergebnisse von VALLE ZARATE (1996) sind nur bedingt vergleichbar, da sie in ihrem genetischen Modell für die Nachkommenzahlen bzw. Nachkommengewichte pro Muttertier und Jahr nur Linienunterschiede auf der Nachkommenebene ( $g_{nk}$ ) und individuelle Dominanzeffekte ( $h_i$ ) berücksichtigt. In ihrer Untersuchung bestätigen sich die negativen additiven Linienunterschiede für die Nachkommenzahl (-21%); außerdem sind positive individuelle Dominanzeffekte (9.8%) signifikant. Beim Gesamtgewicht ist keiner dieser beiden Effekte nachweisbar. Es ist jedoch zweifelhaft, ob so ein extrem reduziertes genetisches Modell den Genotyp der beteiligten Zuchtgruppen ausreichend beschreiben kann.

Den Ergebnissen dieser Entwicklungsphase zufolge ist die höchste Nachkommenzahl bei der Geburt pro Muttertier und insbesondere pro metabolisches Muttergewicht und Zeiteinheit bei der bolivianischen Reinzuchtlinie zu erwarten. Das Niveau der Synthetics ist beim Bezug auf das Muttertier, wo sie den zweiten Rang einnehmen, vergleichbar; beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht liegen sie gleich an 3. Stelle hinter den Kreuzungen mit bolivianischen Reinzuchtmüttern. Die negativen Linienunterschiede und Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene wirken sich insbesondere auf Rotations- und Einfachkreuzungen ungünstig aus, so dass diese hinsichtlich einer maximalen Nachkommenzahl bei der Geburt nicht zu empfehlen sind. Das Gesamtgewicht der Nachkommen bei der Geburt stellt meines Erachtens kein Kriterium dar, wonach die Effizienz von Zuchtgruppen oder Kreuzungssystemen bei im Gewicht sehr unterschiedlichen Linien beurteilt werden sollte, da das zuchtgruppenspezifische Geburtsgewicht, insbesondere bei den reziproken Kreuzungen, keinen Aufschluss über das erreichbare Mastendgewicht geben kann. Wesentlich für eine abschließende Bewertung hinsichtlich der Nachkommenzahl ist vor allem die auf die Geburt folgende Aufzuchtphase, die im nächsten Punkt diskutiert wird.

### 5.2.2 Aufzuchtphase

Die Aufzuchtleistung ist bei gegebener Anzahl von Nachkommen bei der Geburt ausschlaggebend für den Züchtungserfolg. Die Überlebensfähigkeit der Jungtiere steht in enger Beziehung zum Gesundheitszustand der Mutter. Aber auch die eigene Fitness spielt nach WRIGHT (1922b) eine Rolle. Teilaspekte der Aufzuchtleistung sind die Wurfgröße beim Absetzen, wobei hier nur Tiere repräsentiert werden, die ein und mehr Jungtiere geboren haben, von denen mindestens eines bis zum Absetzen überlebt hat. Die Überlebensrate während der Aufzuchtphase gibt daher einen genaueren Überblick über die zuchtgruppenspezifischen Aufzuchtverluste. Die Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen gibt einen wichtigen Hinweis auf die Umweltbedingungen der Jungtiere während der Aufzucht.

Die Wurfgröße beim Absetzen spiegelt bei der vorliegenden Untersuchung im großen und ganzen die Wurfgröße bei der Geburt und deren Rangfolge in beiden Würfen auf einem etwas niedrigeren Niveau wider. Die besonders hohen Aufzuchtverluste der peruanischen Reinzuchtlinie (ca. 20%) im 1. Wurf im Vergleich zu allen anderen Zuchtgruppen (0-10%) kommen dabei nicht zum Ausdruck, da es sich zum großen Teil um Totalverluste, d.h. um Würfe bei denen kein Jungtier bis zum Absetzen überlebt hat, handelt. Im zweiten Wurf hingegen ist kein Effekt der Zuchtgruppe auf die Überlebensrate zwischen Geburt und Absetzen nachzuweisen. Da die erhöhte Mortalität der peruanischen Jungtiere nicht nachweisbar genetisch sondern durch spezifische Erkrankung eines großen Teils dieser Tiere bedingt ist, kann man davon auszugehen, dass der Zuchtgruppenmittelwert für die Wurfgröße beim Absetzen im 1. Wurf nicht überschätzt ist.

Nach der Kreuzungsparameterschätzung persistieren bei der Wurfgröße beim Absetzen die negativen Linienunterschiede im 2. Wurf (14%), während die negativen Dominanzeffekte - wenn man die Mehrzahl der genetischen Modelle als Entscheidungskriterium heranzieht - nicht mehr nachgewiesen werden können. Die Aufzuchtleistung der Mütter kann auch nach der Kreuzungsparameterschätzung über alle Zuchtgruppen hinweg unter den gegebenen Umweltbedingungen als vergleichbar betrachtet werden.

Auch nach den Ergebnissen von VALLE ZARATE et al. (1994) ist nicht von einem Unterschied in der Wurfabsetzgröße zwischen den beiden Reinzuchtlinien auszugehen. Die Überlebensfähigkeit der Jungtiere ist jedoch nach den Ergebnissen von LIZECA (1997) bei der peruanischen Linie (93.2%) um ca. 10% höher als bei der bolivianischen. Den Untersuchungen von SABA (1993) zufolge ist die Überlebensrate der peruanischen Reinzuchttiere im Feld (69-100%) vergleichbar mit der bolivianischen (87-100%), auf Station dagegen deutlich niedriger (36-77% gegenüber 86-91%). Diese Ergebnisse sind äußerst fragwürdig und weisen eher auf einen äußeren zuchtgruppenspezifischen Störfaktor auf Station hin. Dies können z.B. giftige Pflanzen sein, die zufälligerweise bei der Futterverteilung den peruanischen Tieren verabreicht wurden. Auch die Untersuchung von SOLANO (1993) weist nicht eindeutig auf Unterschiede im Aufzuchtvermögen der beiden Reinzuchtlinien hin. Siehe hierzu auch die Tabellen 2.9 und 2.14.

Nach der Kreuzungsparameterschätzung von VALLE ZARATE (1996) sind in den 5 untersuchten Würfen nur vereinzelt Kreuzungseffekte für die Wurfabsetzgröße nachweisbar. Es handelt sich dabei ausschließlich um Linienunterschiede auf maternaler (2 von 5 Würfen) und auf der Nachkommenebene (2 von 5 Würfen), die z.T. an Hand verschiedener Modelle geschätzt wurden und nie zusammen auftreten. Eine Interpretation dafür zu finden ist daher sehr schwierig. Bei den Schätzwerten der Autorin für die Aufzuchttrate ist eine Tendenz zu positiven Linienunterschieden auf individueller Ebene und zu negativen auf der Nachkommenebene zu erkennen (in jeweils drei von 5 Würfen), siehe Tabelle 2.11. Dies bedeutet i.a. ein besseres Aufzuchtvermögen peruanischer Mütter, insbesondere wenn deren Nachkommen von einem bolivianischen Bock stammen. Die Nachkommen einer solchen Verpaarung verfügen bereits durch die für sie besonders

vorteilhafte uterine Entwicklung über ein relativ hohes Geburtsgewicht, das sozusagen einen Puffer gegen widrige Umweltbedingungen während der Aufzucht darstellt. Zusätzlich ist bei gesunden peruanischen Müttern mit einer höheren Milchleistung als bei bolivianischen zu rechnen, so dass der Paarungstyp BBxPP theoretisch die besten Voraussetzungen für eine erfolgreiche Aufzucht bietet, die reziproke Anpaarung die ungünstigsten. Meist ist jedoch der Gesundheitszustand der Mutter und deren Adaptationsvermögen unter Stressbedingungen der ausschlaggebende Faktor für eine erfolgreiche Aufzucht. Ein Verlust der Mutter in den ersten Tagen nach der Geburt verringert die Überlebenschancen der Jungtiere dramatisch.

Unter normalen Verhältnissen verdoppeln die Jungtiere während der zweiwöchigen Aufzuchtphase ihr Geburtsgewicht. Die äußerst niedrige Zunahme der peruanischen Reinzuchttiere zwischen Geburt und Absetzen im 1. Wurf, die im Durchschnitt kaum mehr als die Hälfte des Geburtsgewichts beträgt, kann nicht normal sein. Sie beruht auf der bereits erwähnten zuchtgruppenspezifischen Erkrankung im April/Mai 1993, die neben einer erhöhten Mortalität auch mit Gewichtsverlusten bzw. sehr niedrigen Zunahmen der Jungtiere verbunden war. Es wird daher auf eine Diskussion der Gewichtszunahmen, des Absetzgewichtes sowie des Wurfabsetzgewichtes im 1. Wurf verzichtet.

Die Unterschiede zwischen den Zuchtgruppen in der Gewichtszunahme zwischen Geburt und Absetzen im 2. Wurf haben sich im Vergleich zum Geburtsgewicht leicht verringert durch die relativ höheren Zunahmen der Zuchtgruppen mit den niedrigsten Geburtsgewichten (BB, PB, SYN) gegenüber denen mit den höchsten (RKP',BP,PP). Während bei den ersteren die Gewichtszunahmen dem des Geburtsgewichtes entsprechen oder sogar darüber liegen, erreichen die letzteren, d.h. die Nachkommen peruanischer Mütter, nicht ganz die Verdopplung ihres Geburtsgewichtes bis zum Absetzen. In der Untersuchung von LIZECA (1997) hingegen sind die Zunahmen insgesamt niedriger. Sie erreichen sowohl bei der bolivianischen als auch bei der peruanischen Reinzuchtlinie nur knapp 75% des Geburtsgewichts. Auch verglichen mit den Ergebnissen von SABA (1993) und SOLANO (1993) - die Differenz zwischen dem geschätzten Geburts- und Absetzgewicht entspricht 60 bis 85% des Geburtsgewichts - sind die hier insgesamt erreichten Zunahmen während der Aufzuchtphase im 2. Wurf sehr hoch. Vergleichbare Zunahmen werden auch bei anderen Populationen nativer und peruanischer Meerschweinchen erreicht (vgl. MARINO, 1981, zitiert nach PEREZ, 1988).

Die in dieser Untersuchung geringfügig niedrigeren Zunahmen von Nachkommen peruanischer Mütter äußert sich auch in der Kreuzungsparameterschätzung, wonach die maternalen Linienunterschiede sich gegenüber dem Geburtsgewicht um ca. 10% auf 17.6% verringert haben. Die individuellen halten sich auf demselben Niveau von knapp 10%. Nicht-additive Effekte sind nicht nachzuweisen.

Auch in der Untersuchung von VALLE ZARATE (1996) dominieren die maternalen Linienunterschiede (13-37%), ein Rückgang gegenüber dem Geburtsgewicht ist jedoch nicht festzustellen. Individuelle Linienunterschiede (19-40%) sind nur in zwei von 5 Würfen nachzuweisen. Auch deuten sich in ihrer Arbeit positive maternale Dominanzeffekte im Ausmaß von 7 bis 14% an (3 von 5 Würfen), denen ein negativer Schätzwert von -15% in einem Wurf gegenübersteht.

Das Absetzgewicht kann als Summe von Geburtsgewicht und den Zunahmen bis zum Absetzen betrachtet werden. Bei der Rangfolge zwischen den Zuchtgruppen, die beim Geburtsgewicht und den Zunahmen während der Aufzucht in etwa übereinstimmen, hat sich folglich nichts wesentliches verändert, die relativen Abstände zwischen den beiden Reinzuchtlinien haben sich jedoch von 43% auf 31% verringert. Die geschätzten Kreuzungsparameter (in %) für das Absetzgewicht entsprechen in etwa dem Durchschnitt zwischen Geburtsgewicht und den Zunahmen: Die Linienunterschiede liegen insgesamt bei knapp 30%, wobei die maternalen (21%) von größerer Be-

deutung sind als die individuellen (8%). Die negativen epistatischen Effekte, die beim Geburtsgewicht auftraten, können beim Absetzgewicht nicht mehr nachgewiesen werden.

Auch in den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) wird das Absetzgewicht im wesentlichen durch maternale Linienunterschiede (10-26%) bestimmt, individuelle (7.5-37%) sind nach Modell 2 nur in drei von 5 Würfen nachweisbar. Mit Dominanzeffekten kann auch nach diesen Untersuchungen im allgemeinen nicht gerechnet werden (siehe Tab. 2.16).

Das Wurfgewicht beim Absetzen ist - entsprechend dem bei der Geburt - eine Funktion von Wurfgröße und Jungtiergewicht, wobei auch hier die Rangfolge - bei vergleichbarer Wurfgröße der einzelnen Zuchtgruppen - durch das Jungtiergewicht bestimmt wird. Bei den Kreuzungseffekten sind beim Bezug auf das Muttertier nur individuelle Linienunterschiede von 25% - entsprechend der maternalen Linienunterschiede im Jungtiergewicht - nachweisbar. Die negativen additiven Nachkommeneffekte der Wurfgrößenkomponente werden durch die positiven individuellen Linienunterschiede der Jungtiere aufgehoben. Negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene deuten sich an, welche in der Komponente Wurfgröße nicht das Signifikanzniveau von 5% erreichen, in Form des Wurfgewichtes jedoch einen Verstärkungseffekt erfahren. Auch in der Untersuchung von VALLE ZARATE (1996) sind die individuelle Linienunterschiede mit einem Ausmaß von 23-29% die bestimmenden Effekte für das Wurfabsetzgewicht (siehe Tab.2.11).

Eine ausschließliche Betrachtung der Einzelmerkmale läßt die peruanischen Reinzuchtmütter in Folge der höchsten Zunahmen während der Aufzucht bei vergleichbarer Überlebensrate der Nachkommen als die Tiere mit den besten Muttereigenschaften erscheinen.

Die Nachkommenzahl pro Muttertier bzw. pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr 14 Tage post partum unterscheidet sich von der bei der Geburt ausschließlich durch die Berücksichtigung der Jungtiersterblichkeit zwischen Geburt und Absetzen. Anders als bei der Wurfgröße sind hier die Totalverluste mitenthalten, wodurch die Schätzwerte spezifisch für die peruanische Reinzuchtlinie - auf Grund der durch Krankheit bedingten Verluste - etwas unterschätzt sein können. Da die Rangierung nach den Zuchtgruppenmittelwerten der Nachkommenzahl bei der Geburt entspricht, scheint dieser Effekt - was die Nachkommenzahl betrifft -, insgesamt eher untergeordnet zu sein.

Nach der Rangierung der Zuchtgruppenmittelwerte für die Nachkommenzahlen sowohl pro Muttertier als auch pro metabolisches Körpergewicht stehen die Paarungstypen mit bolivianischen Reinzuchtmüttern an erster Stelle, solche mit peruanischen Müttern an letzter, Paarungen mit Kreuzungsmüttern liegen dazwischen. Auch nach den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) kann die bolivianische Reinzuchtlinie ihre Überlegenheit in der Nachkommenzahl bis zum Absetzen aufrecht erhalten, während für die Basispopulationen (LIZECA, 1997) das umgekehrte der Fall ist.

Die Kreuzungsparameterschätzung zeigt neben den negativen additiven Nachkommeneffekten auf die Nachkommenzahl (-11.6% pro Muttertier; -7.5% pro metabolisches Muttergewicht), die im Ausmaß genau denen bei der Geburt entsprechen, negative additive individuelle für die Nachkommenzahl pro Muttertier (-8.4%). In bezug auf das metabolische Muttergewicht ( $g_i = -35\%$ ) haben sie jedoch nur um ca. 2% zugenommen. Nicht-additive Effekte sind nicht nachzuweisen.

In den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) haben die negativen additiven Nachkommeneffekte für die Anzahl Nachkommen pro Muttertier und Jahr von der Geburt (21%) bis zum Absetzen (31%) um 10% zugenommen. Der Dominanzeffekt auf individueller Ebene (11.7%) ist positiv; andere Effekte wurden im Modell nicht berücksichtigt (siehe Tab.2.11).



Der Einsatz peruanischer Vattertiere wirkt sich den negativen additiven Nachkommeneffekten zu Folge eher ungünstig auf die Gesamtnachkommenzahlen aus. Dennoch konnte die Verpaarung peruanischer Böcke mit bolivianischen Weibchen höchste Nachkommenzahlen sowohl pro Muttertier als auch pro metabolisches Muttergewicht erreichen. Sie demonstriert die hervorragenden Muttereigenschaften der bolivianischen Reinzuchttiere, die es trotz der durch die kleinere Körpergröße begrenzten Uteruskapazität und Milchleistung schaffen, genauso viele Jungtiere mit 50% peruanischem Genanteil aufzuziehen wie ihrem Genotyp entsprechende Jungtiere (bolivianische Reinzucht).

Beim Gesamtgewicht der Nachkommen 14 Tage post partum hat das Jungtiergewicht die dominierende Rolle verloren, die es bei der Geburt in Bezug auf die Leistung pro Muttertier einnahm. Dies wird bei der Rangierung der Zuchtgruppenmittelwerte deutlich, bei der die peruanische Reinzuchtlinie eine mittlere Position einnimmt. Vornehmlich Paarungstypen mit F1-Müttern nehmen die oberen Ränge ein. Jedoch sind die Differenzen zwischen den meisten Zuchtgruppen nicht so groß, als dass sie sich deutlich voneinander unterscheiden würden. Die Ergebnisse der Kreuzungsparameterschätzung, nach denen kein Effekt sich signifikant von null unterscheidet, besagen, dass das Gesamtgewicht der Nachkommen über alle Zuchtgruppen hinweg vergleichbar ist.

Nach VALLE ZARATE (1996) ist das Gesamtnachkommengewicht pro Muttertier und Jahr bei der bolivianischen Reinzuchtlinie höher als bei der peruanischen, was in der vorliegenden Untersuchung (Bezugszeitraum: ein Halbjahr) trotz der möglichen Unterschätzung der Komponente des Jungtiergewichtes (zuchtgruppenspezifische Erkrankung) nicht der Fall ist. Nach ihrer Untersuchung können individuelle Dominanzeffekte von Bedeutung sein. In der Arbeit von LIZECA (1997), wonach schon die Nachkommenzahlen pro Muttertier und Jahr bei der peruanischen Linie höher sind als bei der bolivianischen, sind die Unterschiede im Nachkommengewicht noch größer.

Beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht nimmt der Paarungstyp PPxBB deutlich den höchsten Rang vor der bolivianischen Reinzuchtlinie ein. Paarungstypen mit mehr als 50% peruanischem Genanteil nehmen die untersten, F1-Mütter mittlere bis obere Ränge ein. Bei der Kreuzungsparameterschätzung können jedoch nur negative individuelle Linienunterschiede von ca. 30% nachgewiesen werden. Diese haben seit der Geburt um 7% zugenommen, d.h. der Abstand zwischen den beiden Reinzuchtlinien im Nachkommengewicht pro metabolisches Muttergewicht hat sich zugunsten der bolivianischen Linie vergrößert. Positive additive Nachkommeneffekte deuten sich nur an.

Unter ausschließlicher Betrachtung sämtlicher Kriterien der Gesamtproduktionsleistung am Ende der Aufzuchtphase erweist sich die bolivianische Reinzuchtlinie sowohl bezüglich der Nachkommenzahl pro Muttertier und pro metabolisches Muttergewicht als auch in Bezug auf das Nachkommengewicht pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr als die erfolversprechendste Zuchtoption. Auf Grund der begrenzten Wachstumskapazität der kleinrahmigen bolivianischen Linie muss die Mastleistung für eine endgültige Beurteilung der verschiedenen Zuchtssysteme unbedingt mitberücksichtigt werden.

### 5.2.3 Mastphase

Während der Gewichtsentwicklung der Jungtiere vom Absetzen bis zum Mastende durchlaufen die wachsenden Tiere auch die Reifeentwicklung. Ein Geschlechtsdimorphismus wird bereits ab dem Alter von 28 Tagen nachgewiesen (z.B. VALLE ZARATE, 1996; BIRRUETA, 1995, GALINDO, 1994). Eine Art Wendepunkt im Wachstum wird im Alter von 56 Tagen beobachtet, welches in der vorliegenden Untersuchung die sogenannte Mastmitte darstellt. Diese Einteilung

erscheint vor allem deshalb angemessen, weil sich zum einen die Futterverwertung zunehmend ab dem Alter von ca. zwei Monaten verschlechtert (vgl. TRUJILLO, 1993; MIRANDA, 1993; ALVAREZ, 1993; BIRRUETA, 1995; siehe Tab.2.15). Zum anderen erreichen die männlichen Tiere in diesem Alter die Geschlechtsreife (vgl. ALBA, 1990), wodurch es vor allem in der zweiten Masthälfte zu sehr heftigen Rankämpfen mit Bissverletzungen kommen kann. Gleichzeitig ist auch die Körpergröße der Tiere - bei konstantem Platzangebot von Mastbeginn bis Mastende - gestiegen, was auch bei den weiblichen Tieren mit erhöhtem sozialen Stress verbunden sein kann.

### **5.2.3.1 Vormastphase**

Die sogenannte Vormastphase (14. bis 56. Lebenstag) erstreckt sich über 6 Wochen, in welcher die Gewichtszunahmen das Absetzgewicht um 30 bis 40% übersteigen. Diese liegen im Durchschnitt zwischen 260 und 270 g.

Die nach Würfen getrennte Analyse hat zur Folge, dass die Wachstumsleistung in den beiden Würfen nicht direkt vergleichbar ist. Bei den Gewichtszunahmen ist im Durchschnitt eine Differenz von ca. 30 g zu erkennen, die auf einer unterschiedlichen Wirkung der „Störgrößen“, insbesondere der Jahr-Saison-Effekte, beruhen könnte. Deutliche Abweichungen von diesem mittleren Niveauunterschied können als Unterschiede zwischen Wurfnummern begriffen werden.

Das Wachstum während der Vormastphase wird in beiden Würfen im wesentlichen durch den peruanischen Genanteil der Tiere bestimmt, wobei die beiden Reinzuchtgruppen die äußeren Grenzen darstellen. Bei den Kreuzungsgruppen sind insgesamt 3 Blöcke vergleichbaren Wachstums zu erkennen: die Zuchtgruppen mit 25 bis 35% peruanischem Genanteil (RKB, RKB', Rot2B, Rot3B), die Zuchtgruppen mit je 50% Genanteil (PB, F2, SYN,BP) sowie die Zuchtgruppen mit 65 bis 75% peruanischem Genanteil (Rot3P, Rot2P, RKP, RKP').

Einen Hinweis auf mögliche Genotyp x Umwelt-Interaktionen geben die vergleichsweise höheren Zunahmen der beiden Reinzuchtlinien im 1. Wurf. Bei der peruanischen Linien könnte es sich um eine Art kompensatorischen Wachstums handeln nach der starken krankheitsbedingten Wachstumsdepression eines großen Teils dieser Tiere während der Aufzucht. Bei der Zuchtgruppe BP führen die höheren Zunahmen im 2. Wurf zu einer Verschiebung in der Rangfolge, so dass sie von der Leistung her der Gruppe mit 65-75% peruanischem Genanteil entspricht.

Die Kreuzungsparameterschätzung, bei der die individuellen Liniendifferenzen dominieren (53% im 1. Wurf und 58% im zweiten), reflektiert die beobachtete Rangierung der Zuchtgruppen. Im zweiten Wurf sind außerdem noch positive individuelle Dominanzeffekte von 13-18% nachweisbar. Größere Linienunterschiede und Heterosiseffekte im zweiten Wurf deuten auf insgesamt bessere Wachstumsbedingungen zwischen Absetzen und Mastmitte hin.

Die Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) entsprechen diesen Ergebnissen, was die vorherrschenden individuellen Linienunterschiede (38-70%) betrifft. Nicht-additive Effekte treten vereinzelt auf und sind dann meist negativ gerichtet (siehe Tab.2.16).

Das 56-Tage-Gewicht, das im Durchschnitt bei 460 g liegt, kann als Funktion des Absetzgewichtes und der Zunahmen während der Vormast betrachtet werden. Bei der Rangierung der Zuchtgruppen dominiert insgesamt die Komponente der Zunahmen. Im zweiten Wurf ist das Absetzgewicht deutlich mitbestimmend, weshalb die Reihenfolge nach peruanischem Genanteil nicht ganz so deutlich wird. Die geschätzten Zuchtgruppenmittelwerte für die Reinzuchtlinien (BB: 360-390 g; PP: 530-550 g) entsprechen denen, die an denselben Populationen unter vergleichbaren Haltungsbedingungen geschätzt wurden (vgl. LIZECA, 1997; SOLANO, 1993; MIRANDA, 1993, ALVAREZ, 1993; siehe Tab. 2.14). Wie aus den Untersuchungen von

ALVAREZ (1993), GALINDO (1994) und BIRRUETA (1995) zu erkennen ist, kann die Gewichtsleistung peruanischer Meerschweinchen und auch solcher mit vorwiegend bolivianischem Genanteil unter optimalen Haltungsbedingungen mehr als 50% höher sein (siehe Tab.2.14).

Die Kreuzungsparameterschätzung entspricht dem Durchschnitt der Schätzwerte für das Absetzgewicht und die Zunahmen bis zur Mastmitte: In beiden Würfen herrschen die individuellen Linienunterschiede von 36-37% vor. Im zweiten Wurf haben sich die maternalen Linienunterschiede, die beim Absetzgewicht von größter Bedeutung waren, um etwa die Hälfte auf ca. 12% reduziert. Die individuellen Dominanzeffekte der Zunahmen spiegeln sich - auch um etwa die Hälfte reduziert - im 56-Tage-Gewicht wider.

Die Ergebnisse von VALLE ZARATE (1996) entsprechen im großen und ganzen den hier beschriebenen. Die individuellen Linienunterschiede mit einem Ausmaß von 26 bis 42% bestimmen im wesentlichen das 56-Tage-Gewicht. An zweiter Stelle folgen die maternalen Linienunterschiede (7-23%), die nur für den 1. Wurf nicht nachweisbar sind. Hingegen treten nur im 1. Wurf positive Dominanzeffekte auf, die zum Teil vom Absetzgewicht stammen, zum Teil auch durch höhere Zunahmen von heterozygoten Tieren bedingt sein können.

#### **5.2.3.2 Endmastphase**

Die Endmastphase ist hier als die Zeitspanne vom 56. bis 84. Lebenstag definiert. Die Zunahmen sind in dieser Phase im 2. Wurf im Durchschnitt um ca. 10 g höher als beim ersten, was auf entsprechende Umweltbedingungen schließen lässt. Dass diese anders wirken, wird vor allem durch die unterschiedliche Ebene der GLS-Zuchtgruppenmittelwerte deutlich, bei der die Differenz bei ca. 70 g liegt.

Wie bei den Zunahmen während der Vormastphase wird die Rangordnung zwischen den Zuchtgruppen in beiden Würfen durch den peruanischen Genanteil bestimmt. Die Einteilung der Kreuzungsgruppen in die drei Blöcke gilt auch hier. Während zuvor die Zuchtgruppe BP im 2. Wurf dem Genanteil entsprechend höhere Zunahmen hatte, ist es während der Endmastphase die reziproke Zuchtgruppe PB, und zwar in beiden Würfen. Das Niveau der peruanischen Reinzuchtlinie im 2. Wurf liegt - ausgehend von einer vermutlich nicht-genetisch bedingten Differenz von 60-70 g zwischen den Würfen - deutlich unter dem des ersten, bei der Zuchtgruppe F1xPP verhält es sich genau umgekehrt. Da die Zunahmen während der Endmast für die jeweiligen Zuchtgruppen praktisch nicht heritabel sind ( $h^2=0.03$ ) lassen diese besonders niedrigen bzw. hohen Zunahmen spezifische, abweichende Umweltbedingungen bei diesen Tieren vermuten.

Entsprechend der schlechteren Futtermittelverwertung und dem erhöhten sozialen Stress bei knappem Futterangebot bleiben die Zunahmen pro Zeiteinheit in dieser Phase deutlich hinter denen in der Vormastphase zurück.

Das sehr niedrige Niveau der Zuchtgruppenmittelwerte im ersten Wurf, das deutlich unter dem allgemeinen Mittelwert liegt, bereitet Schwierigkeiten bei der Interpretation der Kreuzungsparameter, wenn diese in Form der prozentualen Abweichung vom Zuchtgruppenmittelwert der bolivianischen Reinzuchtlinie betrachtet werden. Die signifikanten Schätzwerte für sämtliche Parameter auf individueller Ebene sind ungewöhnlich hoch (Linienunterschiede: 213%, Dominanzeffekte: 70-100%, epistatische Effekte: -57 bis -113%) und nicht plausibel. Betrachtet man jedoch die absoluten Schätzwerte, so stimmen die individuellen Linienunterschiede (90 g) mit dem Unterschied zwischen den beiden Reinzuchtlinien genau überein. Die positiven Dominanzeffekte und die negativen epistatischen Effekte heben sich praktisch auf.

Auch im zweiten Wurf herrschen die individuellen Linienunterschiede (64 g bzw. 59%) vor und sind vergleichbar mit denen während der Vormastphase. Bei den Tieren, die von Kreuzungs-

müttern stammen, können sich negative maternale Dominanzeffekte (7-9%) auswirken.

Die Ergebnisse von VALLE ZARATE (1996) sind für die Zunahmen während der Endmast nur bedingt vergleichbar, da die zugrunde gelegte Zeitspanne um 4 Wochen länger ist. Doch auch hier sind die individuellen Linienunterschiede (48-106%) praktisch die einzigen Parameter von Bedeutung.

### **5.2.3.3 Mastendgewicht**

Das Mastendgewicht kann als das Resultat der prä- und postnatalen Entwicklung bis zu einem bestimmten Alter oder Gewicht betrachtet werden. In der vorliegenden Untersuchung ist dieser Endpunkt mit dem Alter von 84 Tagen gesetzt.

Das Endgewicht stellt eine Synthese der bereits diskutierten Gewichte und Zunahmen dar. Die von individuellen Linienunterschieden geprägten Zunahmen während der 10-wöchigen Mastdauer bestimmen im wesentlichen die Rangfolge der Zuchtgruppen im 84-Tage-Gewicht. Das Niveau der Zuchtgruppenmittelwerte im ersten Wurf ist wiederum insbesondere durch die unterschiedliche Einwirkung der Störeffekte gegenüber dem zweiten um ca. 140 g erniedrigt. Unter der Berücksichtigung dieses Effektes sind die erreichten Mastendgewichte für fast alle Zuchtgruppen in beiden Würfen vergleichbar. Die Ausnahme bilden die Zuchtgruppe F1xPP, die durch besonders hohe Zunahmen während der Endmast im 2. Wurf auffiel, und die Zuchtgruppe BP, die sich im 2. Wurf durch ein deutlich höheres Absetzgewicht und höhere Zunahmen während der Vormastphase auszeichnete. Sie fallen daher im 2. Wurf auch etwas aus der Reihe.

Die einfachen Mittelwerte der bolivianischen Reinzuchtlinie liegen im ersten und im 2. Wurf bei 450 bzw. 490 g, die der peruanischen bei 675 bzw. 730 g. Sie entsprechen den von MIRANDA (1993) und SOLANO (1993) unter vergleichbaren Haltungsbedingungen ermittelten Schätzwerten (BB: 483-500 g; PP: 716-740 g). Unter widrigen Umweltbedingungen wiegen bolivianische Meerschweinchen im Alter von 84 Tagen im Durchschnitt nur 360 bis 370 g, peruanische 460 bis 600 g (vgl. SABA, 1993 und SOLANO, 1993).

Wie bereits beim 56-Tage-Gewicht demonstriert, ist auch eine erhebliche Gewichtssteigerung am Mastende durch Verbesserung der Haltungsmaßnahmen möglich. Unter optimalen Haltungsbedingungen erreichen peruanische Meerschweinchen im Alter von 84 Tagen im Durchschnitt ein Gewicht von deutlich über einem Kilogramm (1235 g), das 80% über dem auf der Station üblichen Haltungsbedingungen liegt (vgl. ALVAREZ, 1993, siehe Tab.2.14). Rot1B-Tiere (37.5% peruanischer Genanteil) können unter besten Haltungsbedingungen ein 84-Tage-Gewicht von über 900 g erreichen (vgl. BIRRUETA, 1995).

Die Kreuzungsparameterschätzung bestätigt die Dominanz der individuellen Linienunterschiede im 84-Tage-Gewicht. Sie sind im 1. Wurf die einzigen signifikanten Effekte mit einem Ausmaß von ca. 230 g bzw. 59%. Im zweiten Wurf liegen sie bei 196 g (37%). Außerdem sind die maternalen additiven Effekte (40 g bzw. 7.5%), die vom Geburtsgewicht und den Zunahmen während der Aufzuchtphase herrühren, immer noch von Bedeutung. Auch die individuellen Dominanzeffekte (6-8%), die von den Zunahmen in der Vormastphase stammen, sind nachzuweisen. Die sich andeutenden negativen maternalen Dominanzeffekte sind auf die Komponente der Zunahmen während der Endmastphase zurückzuführen und daher eher fragwürdig.

Die individuellen Linienunterschiede für das 112-Tage-Gewicht (VALLE ZARATE, 1996) liegen in derselben Größenordnung und variieren zwischen 36 und 55%.

#### **5.2.2.4 Schlachtleistung**

Die Schlachtleistung ist zwar nicht der Mastphase zuzuordnen, sie steht jedoch in unmittelbarer Beziehung zum Mastendgewicht, das im wesentlichen durch die Zunahmen während der Mastphase bestimmt wird.

Ebenso wie beim Mastendgewicht ist auch beim Schlachtkörpergewicht eine deutliche Zunahme mit steigendem peruanischen Genanteil zu erkennen, wobei die Schlachtkörper bolivianischer Böcke mit 280.5 g am wenigsten Gewicht auf die Waage bringen, die der peruanischen mit 385.5 g das höchste. Der Unterschied ist bei der Untersuchung von MIRANDA (1993) noch größer (BB: 275 g; PP: 464 g), allerdings bei einer um 4 Wochen längeren Mastdauer.

Der Ausschachtungsanteil liegt im Durchschnitt bei 61-62% und ist über alle Zuchtgruppen hinweg vergleichbar. MIRANDA (1993) und GALINDO (1994) berichten von einer Schlachtausbeute zwischen 60 und 65%. Auch bei dem Genotyp entsprechend leichten Tieren wie der Rot1B (37.5% peruanischer Genanteil) mit einem sehr hohen Lebendgewicht von über einem Kilogramm liegt die Schlachtausbeute noch bei knapp 60%. Nach den Untersuchungen von CHAUCA et al. (1992a), zitiert nach CHAUCA (1997), verhält es sich umgekehrt: Die Schlachtausbeute bei einem Lebendgewicht von 750 bis 900 g ist bei nativen Meerschweinchen (54%) deutlich niedriger gegenüber der von peruanischen Reinzuchttieren (67%) oder Einfachkreuzungen zwischen den beiden Linien (63%).

Die Rückenfetteinlagerung steigt - ebenso wie das Schlachtkörpergewicht - mit zunehmendem peruanischen Genanteil (vgl. auch GALINDO, 1994; MIRANDA, 1993). Bezieht man die Fetteinlagerung auf das Schlachtkörpergewicht, so steigt die relative Fetteinlagerung nach den Ergebnissen des Zuchtgruppenmittelwertvergleichs nur bei den Zuchtgruppen ab einem peruanischen Genanteil von 65%, während bei MIRANDA (1993) eine kontinuierliche Zunahme mit steigendem peruanischen Genanteil zu beobachten ist. Der Kreuzungsparameterschätzung zufolge sind sowohl beim Schlachtkörpergewicht als auch bei der relativen Rückenfetteinlagerung nur individuelle Liniendifferenzen von ca. 37% nachzuweisen.

Ebenso wie die Rückenfetteinlagerung steht die Schlachtkörperlänge in enger Beziehung zum Schlachtkörpergewicht und steigt mit zunehmendem peruanischen Genanteil. Beim Bezug der Schlachtkörperlänge auf das Schlachtkörpergewicht verhält es sich genau umgekehrt. Die relative Schlachtkörperlänge nimmt mit steigendem peruanischen Genanteil ab, was die Untersuchungen von MIRANDA (1993) bestätigen. Es kann daher auf morphologische Unterschiede zwischen diesen beiden Linien geschlossen werden: Peruanische Meerschweinchen haben im Vergleich zu den bolivianischen eine kompaktere Körperform. Die Kreuzungsparameterschätzung zeigt - wie zu erwarten - negative individuelle Linienunterschiede mit einem Ausmaß von 19%.

#### **5.2.2.5 Überlebensrate und Östrusexpression**

Die Überlebensrate während der Mastphase liegt im Durchschnitt bei ca. 95% und zwar unabhängig von der Wurfnummer. Die höchsten Verluste (ca. 80% der Verluste insgesamt) sind in der Vormastphase zu beobachten, insbesondere innerhalb der ersten zwei Wochen nach dem Absetzen. Ein Zusammenhang mit dem zuchtgruppenspezifischen Körpergewicht deutet sich insofern an, dass relativ viele untergewichtige Tiere betroffen sind. Ein Unterschied zwischen Zuchtgruppen ist an Hand der Überlebensrate jedoch nicht offensichtlich, da Jahr-Saison-Effekte von größerer Bedeutung sind, und auf Grund der Datenstruktur eine gleichzeitige Betrachtung ausgeschlossen ist.

In der Arbeit von ALIAGA B. (1990) wurden für eine entsprechende Mastperiode Überlebensraten von 80-100% an Kreuzungstieren beobachtet, die mit den hier beschriebenen in etwa ver-

gleichbar sind. Die Überlebensraten in den Untersuchungen von LIZECA (1997), SOLANO (1993) und MIRANDA (1993) an Tieren derselben Population bewegen sich zwischen 75 und 85% und sind damit deutlich niedriger. Da die Mastdauer in diesen Arbeiten um 4 Wochen länger ist, besteht Grund zur Annahme, dass die Mortalität nach dem Alter von 84 Tagen wieder ansteigt. Ein Unterschied zwischen den Zuchtgruppen deutet sich nach diesen Untersuchungen nicht an (siehe Tab. 2.14).

Wie wichtig die Berücksichtigung der Umweltverhältnisse bei der Beschreibung der Mortalitätsraten ist, kommt in der Arbeit von SABA (1993) deutlich zum Ausdruck. Die Ergebnisdarstellung der Mortalitätsrate der beiden Reinzuchtlinien im Feld (BB: 46%, PP: 27%) und auf Station (BB: 15%, PP: 15.5%) könnte mit einer besseren Adaptationsfähigkeit abgesetzter peruanischer Jungtiere oder mit bevorzugter Behandlung dieser Tiere interpretiert werden. Die besonders hohe Sterblichkeitsrate der bolivianischen Linie unter Feldbedingungen, die sich aus dem Durchschnitt von drei verschiedenen Betrieben ergibt, ist jedoch nur auf extrem schlechte Haltungsbedingungen in einem Betrieb zurückzuführen, in dem nur 10% der Tiere bis zum Mastende überlebt haben.

FIEDLER (1992) betrachtet die Reaktion von Meerschweichen auf nicht-standardisierte Umweltbedingungen mit unregelmäßigen Brunstzyklen als geminderte Adaptationsleistung an veränderte Umweltbedingungen. Insofern kann auch die Östrusexpression bis zum Alter von 84 Tagen als ein Merkmal der Adaptationsleistung betrachtet werden.

Nach den vorliegenden Untersuchungen variiert der Anteil Tiere, bei denen bis zum Ende der Mastphase an Hand äußerer Brunstanzeichen mindestens ein Zyklus nachgewiesen werden konnte, nach Zuchtgruppen zwischen 41 (PP) und 81% (BP) und nach Jahr-Saison-Klassen zwischen 33 und 82% bei einem Durchschnitt von ca. 60%. Beide Effekte, die - wie bei der Überlebensrate - nur unabhängig voneinander geschätzt werden konnten, sind hochsignifikant. Die besonders hohe Gewichtsentwicklung der Zuchtgruppe BP während der Aufzucht und Vormast könnte die deutlich überdurchschnittliche Östrusexpression bei diesen Tieren erklären (vgl. MILLS & REED, 1971). Der deutlich niedrigere Wert der peruanischer Reinzuchtweibchen könnte eine geringere Adaptationsfähigkeit dieser Tiere bedeuten. Ein Zusammenhang der Östrusexpression vor der ersten Anpaarung mit der Frühreifeentwicklung scheint nicht zu bestehen (vgl. WEIR, 1971).

#### **5.2.2.6 Anzahl und Gewicht ausgemästeter Nachkommen pro Muttertier und metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr**

Die Nachkommenzahl am Mastende unterscheidet sich von der beim Absetzen ausschließlich durch die Berücksichtigung der Überlebensrate der Jungtiere während der Mastphase. Diese kann für die verschiedenen Zuchtgruppen als vergleichbar betrachtet werden (siehe oben).

Bei den Zuchtgruppenmittelwerten sind gegenüber der Nachkommenzahl nur geringfügige Rangverschiebungen sowohl beim Bezug auf das Muttertier als auch auf das metabolische Muttergewicht zu beobachten. Auch die geschätzten Kreuzungsparameter sind jeweils vergleichbar mit negativen Linienunterschieden von -13% (pro Muttertier) bzw. -7.9% (pro metabolisches Muttergewicht) auf der Nachkommenebene und von ca. -10% bzw. -36% auf individueller Ebene.

In den Untersuchungen von VALLE ZARATE (1996) hingegen sind die negativen Nachkommeneffekte, die bei der Nachkommenzahl beim Absetzen 31% ausmachten, 84 Tage post partum nicht mehr nachzuweisen, während sich die individuellen Dominanzeffekte (11%) aufrecht erhalten haben. Auf die begrenzte Aussagefähigkeit des dafür verwendeten genetischen Modells, das nur  $g_{nk}$ - und  $h_i$ -Effekte berücksichtigt wurde bereits an anderer Stelle hingewiesen.

Beim Gesamtgewicht der Nachkommen am Ende der Mastphase kommen die Linienunterschiede der Nachkommen, die beim 84-Tage-Gewicht im Durchschnitt bei 50% liegen, deutlich zum Ausdruck. Sie sind beim Bezug auf das Muttertier die dominierenden Effekte, erreichen aber nur ein Ausmaß von 23% auf Grund der negativen Komponente der Wurfgröße. Beim Bezug auf das Muttergewicht sind sie in derselben Größenordnung nachzuweisen, die entgegen gerichteten negativen individuellen Linienunterschiede (-40%) sind jedoch fast doppelt so hoch.

Die Ergebnisse von VALLE ZARATE (1996), bei denen weder der additive Nachkommen- noch der individuelle Dominanzeffekt sich signifikant von null unterscheiden, bedeuten praktisch, dass das Gesamtgewicht der Nachkommen 84 Tage post partum pro Muttertier und Jahr über alle Zuchtgruppen hinweg gleich ist. Da in der Nachkommenzahl keine Linienunterschiede nachgewiesen wurden und die Jungtiergewichte ab der Mastmitte im wesentlichen durch die individuellen Linienunterschiede bestimmt werden, sind diese Ergebnisse nicht ganz plausibel.

Zweifellos geben die Gesamtleistungskriterien, d.h. die Nachkommenzahl und das Nachkommengewicht pro Muttertier bzw. pro metabolisches Körpergewicht in den verschiedenen Phasen ein umfassendes Bild des Leistungspotentials der verschiedenen Zuchtgruppen. Die Zuchtgruppenmittelwertvergleiche haben jedoch den Nachteil, dass sie zum Teil auf einem sehr begrenzten Stichprobenumfang, v.a bei den Rückkreuzungsgruppen, beruhen und daher kaum deutliche Unterschiede zwischen den Zuchtgruppen zu erkennen sind, bzw. manche Unterschiede eindeutig auf Artefakten beruhen. Die Kreuzungsparameterschätzung hingegen, nach der die 14 verschiedenen Genotypen mit jeweils 5 Kreuzungsparameter beschrieben werden, kann auf Grund der dadurch deutlich verbesserten Struktur verlässlichere Ergebnisse liefern.

Für eine weitgehendst ganzheitliche Beurteilung von Zuchtsystemen vom genetischen Gesichtspunkt her eignet sich insbesondere das Kriterium des Gesamtnachkommengewichtes am Mastende, da es sowohl die Reproduktionsleistung (Wurfate - Wurfgröße - Reproduktionsfrequenz - Aufzuchtverluste) als auch das individuelle Wachstumsvermögen der Nachkommen und deren Überlebensrate bis zum Mastende mitberücksichtigt. Eine Schätzung der erwarteten Leistungen auf der Grundlage der geschätzten Kreuzungsparameter erscheint aus oben genannten Gründen besser als ein Vergleich auf der Basis der geschätzten Zuchtgruppenmittelwerte.

### **5.3 Zuchtsystemoptimierung**

Die Zuchtsystemoptimierung umfasst verschiedene Faktoren, von denen der genetische Aspekt nur einer unter mehreren ist. Wie unter Punkt 2.2 ausdrücklich erwähnt wurde, kann sich die Optimierung nur auf die definierten Populationen unter definierten Haltungsbedingungen bei gegebenen wirtschaftlichen Rahmenbedingungen beziehen. Die folgenden Ausführungen gelten daher ausschließlich für die untersuchten Linien bzw. Zuchtgruppen der Versuchsstation „Mejocuy“ unter den beschriebenen semi-extensiven/semi-intensiven Haltungsbedingungen. Sie können daher nicht auf andere native oder peruanische Linien und deren Kreuzungen übertragen werden, auch können keine Schlussfolgerungen über den möglichen Erfolg unter deutlich abweichenden Haltungsbedingungen gezogen werden.

Die einzelnen genetischen Gesichtspunkte der untersuchten Population wurden oben bereits ausführlich behandelt. Die kleinrahmige synthetische bolivianische Linie (Muttergewicht: 600-700 g), die durch Inter-se-Kreuzung zwischen 29 nativen Herkünften gebildet wurde, zeichnet sich gegenüber der peruanischen Linie insbesondere durch eine hohe Wurfrequenz und hohe Aufzuchttrate bei vergleichbarer Wurfgröße aus, was in der Anzahl abgesetzter Nachkommen pro Muttertier (und in viel größerem Maße pro metabolisches Muttergewicht) im ersten Produktionshalbjahr deutlich zum Ausdruck kommt. Die importierte peruanische Linie (Muttergewicht: 1000-1200 g) hingegen stellt die ideale Mastlinie mit den höchsten Zunahmen bei bester Futter-

verwertung dar.

Heterosiseffekte in der Reproduktionsleistung konnten nicht nachgewiesen werden, was durch den zu erwartenden hohen Heterozygotiegrad der bolivianischen Linie, die sich bei Abschluss der Untersuchungen erst in der fünften Inter-se-Kreuzungsgeneration befand, zurückzuführen sein könnte. Linienunterschiede sind die dominierenden Effekte sowohl in der Reproduktions- als auch in der Mastleistung. Eine optimale Kombination zwischen Nachkommenzahlen und Mastleistung unter Berücksichtigung wirtschaftlicher Aspekte wie Haltungskosten und Verkaufspreise gilt es zu finden.

Ein Effizienzmaßstab zur Gesamtbeurteilung, der sowohl die Nachkommenzahl als auch die Mastleistung berücksichtigt, stellt der Mastertrag (Gesamtnachkommengewicht) pro Muttertier bzw. metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr dar. Angesichts der Tatsache, dass die Futterkosten 75 bis 80% der gesamten Produktionskosten ausmachen (REYES, 1997), stellt das metabolische Muttergewicht eine praxisbezogene Vergleichsbasis dar. Auch DICKERSON (1969) meint, dass die Beurteilungskriterien von Rassen und/oder Zuchtsystemen eher kosten- als erlösorientiert sein sollten.

Wie CORRALES (1997) schreibt, besteht bereits eine Nachfrage für Tiere mit einem Lebendgewicht von ca. 500 g. Das heißt, die Mastdauer muss nicht unbedingt mit dem 84. Lebenstag enden. Unter den gegebenen Haltungsbedingungen erreichen sämtliche Zuchtgruppen, mit Ausnahme der bolivianischen Linie, ein durchschnittliches 8-Wochen-Gewicht von über 400 g bis nahezu 600 g in Abhängigkeit von den Umweltbedingungen und dem peruanischen Genanteil.

Im folgenden werden verschiedene Zuchtsysteme auf der Grundlage der geschätzten Kreuzungsparameter nach dem Kriterium des Gesamtnachkommengewichts am Mastende pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr miteinander verglichen. Das Mastendgewicht bezieht sich dabei sowohl auf eine Kurzmast (bis zum Alter von 56 Tagen) als auch für die am Zuchtprojekt konventionelle Mast bis zum Alter von 84 Tagen. Die verschiedenen Zuchtgruppen bzw. Zuchtsysteme sind in der Tab.5.1 in der Rangfolge nach dem Effizienzkriterium der Kurzmast aufgelistet.



**Tab. 5.1: Vorhergesagte Zuchtgruppenmittelwerte auf der Basis der geschätzten Kreuzungsparameter für das Gesamtnachkommengewicht pro metabolisches Muttergewicht [g/kg<sup>0.75</sup>\*1000] im ersten Produktionshalbjahr 56 und 84 Tage post partum.**

Zuchtgruppe	Vorhergesagtes Gesamtnachkommengewicht pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr			
	56 Tage post partum		84 Tage post partum	
	LSM	S.E.	LSM	S.E.
PPxBB	3708	133	4810	169
F1xBB	3569	85	4395	107
BBxBB	3424	97	4261	97
RotP	3310	77	4120	120
SYN 75B/25P	3254	51	3960	64
PPxF1	3110	85	4010	106
RotBP	3049	63	3823	78
SYN 50B/50P	3038	83	3719	103
F1xF1	3027	84	3697	104
BBxF1	2938	85	3524	105
SYN 25B/75P	2815	48	3617	61
RotB	2788	74	3385	91
PPxPP	2548	105	3434	133
F1xPP	2521	80	3223	99
BBxPP	2487	123	3152	152

Die vorhergesagten Schätzwerte beruhen auf dem Dickerson- bzw. Jakubec-Modell mit Additiv x Additiv-Interaktionen; die Schätzwerte nach dem Jakubec-Modell mit Dominanz x Dominanz-Interaktionen weichen nur geringfügig davon ab, die Rangfolge ist davon nicht betroffen (siehe Anhang Tab. A13)

Wie aus der Tabelle 5.1 deutlich wird, steht die Effizienz der verschiedenen Kreuzungssysteme in direkter Verbindung zum metabolischen Körpergewicht der Muttertiere, die mit steigendem peruanischen Genanteil abnimmt, sowohl beim Mastertrag 56 Tage als auch 84 Tage post partum. Der sich mit zunehmendem peruanischen Genanteil der Böcke steigernde Einfluss auf den Mastertrag kommt 84 Tage post partum deutlicher zum Ausdruck als 56 Tage. Zwischen benachbarten Zuchtgruppen kommt es beim Nachkommengewicht 84 Tage post partum zu Rangverschiebungen bzw. -ausgleichen im Vergleich zur kürzeren Mastdauer zu Gunsten von Paarungstypen mit höherem peruanischem Genanteil (z.B. synthetische Linie mit 25% peruanischem Genanteil - peruanische Rückkreuzung bzw. synthetische Linie mit 75% peruanischem Genanteil - bolivianische Rückkreuzung).

Das optimale Zuchtsystem nach dem Kriterium des auf das metabolische Muttergewicht bezogenen Mastertrages stellt vom züchterischen Standpunkt her die einfache Gebrauchskreuzung peruanischer Böcke mit bolivianischen Reinzuchtmüttern (PPxBB) dar. Sie gewährt die Möglichkeit, sowohl Komplementarität als auch individuelle Heterosiseffekte in der Gewichtszunahme nach dem Absetzen voll zu nutzen, und ist sowohl der bolivianischen Linie (56 Tage p.p.: 8.3%; 84 Tage p.p.: 12.9%) und noch viel mehr der peruanischen (56 Tage p.p.: 25.6%; 84 Tage p.p.: 40%) unter den gegebenen Haltungsbedingungen deutlich überlegen. Durch das zu erwartende

überragende Ergebnis der Gebrauchskreuzung, die die einfachste sämtlicher diskontinuierlichen Kreuzungssysteme darstellt, erübrigt sich die Betrachtung der anderen und komplizierteren diskontinuierlichen Kreuzungssysteme wie Rückkreuzungen oder  $F1 \times F1$ . Die kontinuierlichen Zuchtssysteme, d.h. Synthetics und Rotationen, erweisen sich im Vergleich zur bolivianischen Linie nach dem Kriterium des Mastertrages pro metabolisches Muttergewicht als weniger effizient. Die Kosten für den höheren Erhaltungsbedarf der Mütter rechnen sich durch ein höheres Gewicht der Nachkommen nicht auf. Eine konventionelle Wechselkreuzung (RotBP) ist in der Tendenz einer synthetischen Linie mit je 50% Genanteil überlegen, eine synthetische Linie mit nur 25% peruanischem Genanteil ihrerseits der Wechselkreuzung. Ob sich eine Mastperiode von 10 Wochen gegenüber 6 Wochen lohnt, hängt in erster Linie davon ab, ob die Kosten für das bei schlechteren Tageszunahmen erreichte höhere Gewicht durch entsprechend höhere Marktpreise kompensiert wird. Wie oben bereits angedeutet wurde, erreichen die Masttiere der bolivianische Linie unter den gegebenen Haltungsbedingungen im Alter von 56 Tagen noch kein vermarktungsfähiges Mastendgewicht, was im Kriterium des Mastertrages 56 Tage post partum nicht zum Ausdruck kommt. Speziell bei dieser Linie und je nach Fütterungsniveau auch bei den Zuchtgruppen mit bis zu 50% peruanischem Genanteil ist daher eine Mastdauer von mehr als 6 Wochen angebracht. Wie aus den Ergebnissen von TRUJILLO (1992) deutlich wird, erreichen die bolivianischen Meerschweinchen unter etwas besseren Futterverhältnissen (Luzernefütterung ad libitum) im Alter von 63 Tagen ein durchschnittliches Körpergewicht von ca. 500 g. Dieser Aspekt der späteren Vermarktungsfähigkeit kann mit den hier vorliegenden Informationen jedoch nicht mitberücksichtigt werden. Insgesamt wäre es von Vorteil, zumindest einen Teil der Masttiere bereits ab dem Alter von 56 Tagen zu verkaufen, bzw. dann, wenn sie ein marktfähiges Gewicht erreichen. Dies würde zum einen Futterkosten insgesamt sparen, zum anderen ergäbe sich für die verbliebenen Tiere - bei entsprechendem Management - ein größeres Platzangebot (verminderter Sozialstress), das sich positiv auf die weitere Gewichtsentwicklung auswirken könnte. Bei entsprechender Futterversorgung könnten diese Tiere bereits im Alter von 70 Tagen ein Endgewicht erlangen, das unter den sonstigen Bedingungen erst ab dem Alter 84 Tagen erreichbar wäre. Was die wirtschaftlichen Rahmenbedingungen betrifft, so unterliegt die Meerschweinchenproduktion in Andentälern wie Cochabamba starken saisonalen Schwankungen. Dabei ist nicht die Temperatur der wesentliche Faktor, sondern die Niederschlagsmenge und insbesondere deren Verteilung (siehe Tab.3.1). Auf Grund der Trockenheit in den Winter- und Frühlingsmonaten (Juni bis Oktober) ist der Futteraufwuchs in dieser Zeit minimal, so dass allgemein die Tierbestände reduziert werden. In der Regel werden die Tiere pro Stück verkauft, wobei es wie VALLE ZARATE (1996) schreibt, nur zu Preisab- und -zuschlägen bei deutlichen Abweichungen im Gewicht kommt. Noch wichtiger ist nach CORRALES (1996) die saisonale Preisfluktuation im Zusammenhang mit dem Futteraufwuchs. Die höheren Preise in den trockenen Wintermonaten decken jedoch kaum die erhöhten Produktionskosten (GARCIA, 1995).

Wie VALLE ZARATE (1996) schreibt, sind daher flexible Zuchtssysteme erforderlich, die sich an die saisonalen Erfordernisse anpassen können. Als flexible Zuchtssysteme nennt sie die Rotationskreuzungen in klassischer oder modifizierter Form, wobei die modifizierten Rotationskreuzungen ohne kontrollierte Paarung auch als eine Art offene synthetische Linie betrachtet werden können. Wie oben jedoch gezeigt wurde, sind diese im Vergleich zu Zuchtssystemen mit bolivianischen Reinzuchtmüttern mit deutlich erhöhten Erhaltungskosten verbunden. Problematisch vor allem erscheint bei den Rotationen der deutlich unterschiedliche Genanteil zwischen Mutter und Nachkommen. Eine Rotation auf die bolivianische Linie, wie VALLE ZARATE (1996) für niedrige Betriebs- bzw. Fütterungsniveaus vorschlägt, impliziert gerade in den kritischen Zeiten einen besonders hohen Futteraufwand für den Erhaltungsbedarf der Muttertiere, die definitionsgemäß einen erhöhten peruanischen Genanteil haben. Wenn eine konventionelle Einfachkreuzung unter den gegebenen Betriebsverhältnissen um Cochabamba, wie VALLE ZARATE (1996) schreibt,

zu kompliziert und nicht konkurrenzfähig ist, so sind auch hier - wie bei den Rotationen - vereinfachende Modifikationen denkbar. Eine Möglichkeit wäre ein Wechsel zwischen Gebrauchskreuzung und bolivianischer Reinzucht in Anpassung an die saisonalen Gegebenheiten. Praktisch bedeutet dies, in den Frühlingsmonaten einen peruanischen Bock mit bolivianischen Muttertieren anzupaaren, so dass die Geburt der Kreuzungsnachkommen in die Saison mit erhöhtem Futterwuchs fällt. Dieser sollte dann ab Januar durch einen bolivianischen Bock ersetzt werden, um die Nachzucht für die Winter- und Frühlingsmonate (Juni bis September/Okttober) zu garantieren. Eine weitere Möglichkeit bestünde in der parallelen Durchführung von bolivianischer Reinzucht und einfacher Gebrauchskreuzung, die je nach Saison unterschiedlich ausgedehnt werden können. Der Zukauf von Zuchttieren würde sich in beiden Fällen im wesentlichen auf peruanische Böcke beschränken. Wie unter Punkt 2.2 dargestellt wurde, schließt die Optimierung von Zuchtssystemen auch Selektionsmaßnahmen mit ein. Da bei der Kreuzung zwischen der bolivianischen und der peruanischen Linien nicht-additive Effekte i.a. nicht nachgewiesen werden konnten, und statische Kreuzungssysteme nicht in Frage kommen, ist eine Selektion auf Reinzuchtleistung (RZS) zu empfehlen. Die Wurfrate, Wurfrequenz und die Aufzuchtrate, die neben der Wurfgröße wesentlich den Reproduktionserfolg beeinflussen, sollten unbedingt bei der Selektion mitberücksichtigt werden. Als Selektionskriterium bietet sich hierbei die Nachkommenzahl beim Absetzen pro Muttertier und Halbjahr an. Dabei sollten ausschließlich Nachkommen von Müttern mit mindestens zwei Würfen, bei denen eine dritte Trächtigkeit diagnostiziert wurde, als Kandidaten ausgewählt werden. Heritabilitätsschätzungen für solche Gesamtleistungskriterien liegen beim Meerschweinchen zwar nicht vor, es ist jedoch anzunehmen, dass sie - ebenso wie bei der Wurfgröße (vgl. LIZECA, 1997) - bei null liegen. Dennoch sollte bei der Zuchttierauswahl diese Art Langzeitreproduktionsleistung unbedingt Beachtung finden, um die Reproduktionsleistung und das Adaptationsvermögen der Elterngeneration zumindest aufrechtzuerhalten. Was die Mastleistung betrifft, so sollte ein schnelles Wachstum bis zum Alter von 56 Tagen im Vordergrund stehen. Als Selektionskriterium wäre hier das 56-Tage-Gewicht vorzuschlagen, das sich relativ einfach erfassen lässt und dessen Heritabilität im Vergleich zu den Zunahmen relativ hoch ist ( $h^2=0.27$ ). Die Umwelt- und Haltungsbedingungen, unter den die Selektion vorgenommen wird, sollte im wesentlichen mit denen übereinstimmen, in denen die Zuchttiere später zum Einsatz kommen. Auch wenn die peruanische Linie unter den gegebenen Haltungsbedingungen nur als Vaterlinie in Frage kommt, sollte neben der Selektion auf Mastleistung auch die Reproduktionsleistung, insbesondere die Reproduktionsfrequenz, bei der das Vatertier einen wichtigen Einfluss hat (vgl. WRIGHT, 1922b), mitberücksichtigt werden. Bei der bolivianischen Linie, die sowohl in Reinzucht als auch als Mutterlinie für die Gebrauchskreuzung eingesetzt werden kann, ist eine Selektion nach Reproduktionsleistung und Gewichtszuwachs bis zum Alter von ca. 8 Wochen gleichermaßen von Bedeutung. Eine Berücksichtigung der Verwandtschaftsbeziehungen bei der Zuchtwertschätzung ist angesichts der niedrigen Heritabilitäten und der starken Umwelteinflüsse dringend zu empfehlen, vorausgesetzt, dass die Pedigrees fehlerlos erfasst werden. Was speziell den Zuchtnukleus der Zuchtstation Mejocuy betrifft, so ist die Öffnung desselben oder eine Erweiterung der Populationsgröße auf Grund der relativ hohen jährlichen Inzuchtrate, bedingt durch das kurze Generationsintervall, angeraten. Mögliche Kandidaten können aus der Landeszucht stammen, auch ein internationaler Tieraustausch wäre denkbar, wie z.B. die Einkreuzung des hochfruchtbaren Pirbright-Dunkin-Hartley Meerschweinchens nach positiver Vor-Ort-Prüfung (siehe Tab.2.9 und 2.10). Zur objektiven Beurteilung der Kandidaten kann die Anwendung eines Multirassenindex (vgl. WEBB, 1976; KINGHORN, 1982b, 1983b, 1984, 1986; siehe Punkt 2.2.2.3) von Hilfe sein. Möglichkeiten zur Maximierung des genetischen Fortschritts bei gegebener Inzuchtrate wurden unter Punkt 2.2.3.3 ausführlich beschrieben. Bezüglich einer weiteren Diskussion über die Eignung von Zuchtverfahren unter besonderer Berücksichtigung von landes- und regionsspezifischen Produktionsverhältnissen sowie spezielle zuchtorganisatorische Empfehlungen sei auf die Ausführungen von VALLE ZARATE (1996) hingewiesen.

## 6 Zusammenfassung

Die vorliegende Arbeit befasst sich mit dem Meerschweinchen als einheimischem Fleischlieferant in den Andenstaaten Lateinamerikas, das im Rahmen der ländlichen Entwicklung durch Züchtung und entsprechende Haltung zu einer besseren Fleischversorgung und evt. zu einer Einkommensquelle insbesondere für Kleinbauern beitragen soll. Ziel der Arbeit ist es, die Kreuzungsparameter, insbesondere epistatische Effekte, zwischen einer synthetischen kleinrahmigen nativen Linie, bestehend aus 29 Herkünften Boliviens, und einer importierten großrahmigen Linie aus Peru unter semi-intensiven/semi-extensiven „modernen“ Haltungsbedingungen zu schätzen und daraus Schlussfolgerungen für die Optimierung von Zuchtssystemen zu ziehen.

In der Einleitung werden zunächst die biologische Besonderheiten des Meerschweinchens herausgestellt. Die kulturelle und gesellschaftliche Bedeutung des Meerschweinchens, das traditionell mehr als nur ein Fleischlieferant ist, sowie die traditionelle Haltungsform werden kurz beschrieben. Auf mögliche Schwierigkeiten beim Einsatz „modern“ gehaltener Zuchttiere in traditionellen Haltungssystemen wird hingewiesen und ein globales *Knowledge Network*, das im Bereich der Forschung sowohl das traditionellen Wissen als auch die Erfahrungen der verschiedenen mit Meerschweinchen arbeitenden Forschungsgruppen weltweit miteinschließt, vorgeschlagen.

Der Literaturteil setzt sich aus drei Kapiteln zusammen: Im ersten werden die Genwirkungen bei Kreuzungen, insbesondere die unterschiedliche Berücksichtigung epistatischer Effekte in verschiedenen genetischen Modellen sowie der Begriff bzw. das Phänomen Heterosis behandelt. Weiterhin werden Komplementarität sowie die Genwirkungen auf verschiedenen Generationsebenen dargestellt. Das zweite Kapitel befasst sich mit der Planung und Optimierung von Kreuzungssystemen. Das dritte Kapitel stellt eine Literaturübersicht über die Reproduktions- und Produktionsleistung beim Meerschweinchen in Rein- und Kreuzungszucht dar.

Der eigenen Untersuchung liegen die Daten von 2857 ersten und zweiten Würfen bzw. von 7745 lebend geborenen Jungtieren vor, die aus der Verpaarung von 391 Böcken mit 1688 Weibchen hervorgingen. Es handelt sich dabei um die am Zuchtprojekt Mejocuy der Universidad Mayor de San Simón in Cochabamba, Bolivien, entwickelten nativen synthetischen bolivianischen Meerschweinchen und um eine importierte peruanische Linie sowie 12 daraus erstellte Kreuzungsgruppen verschiedener Generationen (reziproke F<sub>1</sub>s, reziproke Rückkreuzungen, F<sub>2</sub>, Vorstufen einer Wechselkreuzung sowie eine synthetische Linie mit je 50% Genanteil der beiden Ausgangspopulationen).

Der Schätzung der Kreuzungsparameter liegen das Jakubec-Modell mit drei verschiedenen epistatischen Effekten (Additiv x Additiv-Interaktionen, Additiv x Dominanz-Interaktionen, Dominanz x Dominanz-Interaktionen) sowie das Dickerson-Modell mit dem Rekombinationsverlust als epistatischem Effekt auf individueller (Nachkommen-), maternaler (individueller), paternaler (Paarungspartner-) und großmütterlicher (maternaler) Ebene zu Grunde. An Hand von Linearkombinationen zwischen den durch Kreuzungsparametern beschriebenen Zuchtgruppen wurde die theoretische Schätzbarkeit der einzelnen Parameter sowohl für das Jakubec- als auch für das Dickerson-Modell ermittelt, wobei nach dem Jakubec-Modell zwölf der 20 beschriebenen Parameter und nach dem Dickerson-Modell acht von 12 schätzbar sind.

An einem Beispiel wird gezeigt, dass auf Grund der Interkorrelation der Parameter (Multikollinearität) eine Schätzung sämtlicher theoretisch schätzbarer Parameter durch ein unverzerrtes multiples Regressionsverfahren nicht sinnvoll ist. Die Anzahl der Parameter je genetisches Modell wurde auf fünf mit jeweils einem epistatischen Effekt pro Modell beschränkt: Dickerson-

Modell:  $g_i, h_i, r_i, g_m, h_m$  bzw.  $g_{nk}, h_{nk}, r_{nk}, g_i, h_i$ ; Jakubec-Modell aa:  $g_i, d_i, aa_i, g_m, d_m$  bzw.  $g_{nk}, d_{nk}, aa_{nk}, g_i, d_i$ ; Jakubec-Modell dd:  $g_i, d_i, dd_i, g_m, d_m$  bzw.  $g_{nk}, d_{nk}, dd_{nk}, g_i, d_i$ . Die synthetische bolivianische Linie stellt die Bezugsbasis dar.

Die Zuchtgruppenmittelwerte und Kreuzungsparameter wurden für die Einzelmerkmale nach Wurf getrennt analysiert, um jeweils unterschiedlich einwirkende Umwelteinflüsse entsprechend zu berücksichtigen. Die Analyse der Gewichts- und Wachstumsleistung erfolgte unter Berücksichtigung der Verwandtschaftsverhältnisse nach dem Tiermodell. Die zu Grunde liegende Varianzkomponentenschätzung ergab Heritabilitätsschätzwerte zwischen 0.27 und 0.29 für die Gewichtsmerkmale von der Geburt bis zum Mastende. Die Schätzwerte für die Gewichtszunahmen von der Geburt bis zum Absetzen (14 Tage post partum) bzw. vom Absetzen bis zum Alter von 56 Tagen liegen bei 0.19 bzw. 0.16, während die Zunahme zwischen dem 56. und dem 84. Lebenstag ( $h^2=0.03$ ) kaum genetisch fundiert zu sein scheint.

Die GLS-Zuchtgruppenmittelwertvergleiche für das Geburtsgewicht sowie für die Gewichtsentwicklung bis zum Absetzen zeigt bei den Nachkommen von Reinzuchtmüttern einen deutlichen maternalen Einfluss, während die pränatale und postnatale Gewichtsentwicklung der Nachkommen von Kreuzungsmüttern in erster Linie von äußeren Umweltbedingungen, die in den beiden Würfen innerhalb und zwischen Zuchtgruppen recht unterschiedlich waren, abhängt. Die vorherrschenden Kreuzungseffekte bis zum Absetzen sind die Linienunterschiede auf individueller und maternaler Ebene: Beim Geburtsgewicht liegen sie insgesamt bei ca. 30-35 g bzw. 37% des GLS-Schätzwertes der bolivianischen Linie, wobei im 1. Wurf die individuellen Effekte dominieren, im zweiten die maternalen. Negative epistatische Effekte deuten sich in beiden Würfen an (-8 bis -17%); im ersten Wurf sind außerdem negative Dominanzeffekte auf maternaler Ebene (-4 bis -6%) wirksam. Beim Absetzgewicht sind ausschließlich Liniendifferenzen nachweisbar mit einem Ausmaß von knapp 30%. Die Überlebensrate der Jungtiere während der Aufzucht liegt in beiden Würfen im Durchschnitt bei ca. 91.5%, wobei vor allem Jahr-Saison-Effekte von Bedeutung sind.

Bei der Gewichtsentwicklung nach dem Absetzen ist eine deutliche Differenzierung der Zuchtgruppen nach peruanischem Genanteil zu erkennen. Die individuellen Linienunterschiede sind die dominierenden Kreuzungseffekte, die bei den Zunahmen bis zum Mastende im Alter von 84 Tagen ein Ausmaß von 170 bis 205 g bzw. 50 (2. Wurf) bis 80% (1. Wurf) des GLS-Schätzwertes für die bolivianische Linie erreichen. Außerdem sind im 2. Wurf positive individuelle Dominanzeffekte (12-13%) nachzuweisen. Im ersten Wurf deuten sich negative maternale Linienunterschiede (-5%) an. Das Körpergewicht im Alter von 56 bzw. 84 Tagen ist sowohl durch die Effekte der Gewichtsentwicklung bis zum Absetzen als auch durch die Zunahmen nach der Aufzuchtphase geprägt. Es dominieren jedoch sowohl beim 56-Tage-Gewicht (36-37%) als auch beim 84-Tage-Gewicht (1. Wurf: 59%; 2. Wurf: 37%) die individuellen Linienunterschiede, die maternalen, die auf die Aufzuchtphase zurückzuführen sind, sind noch im Alter von 84 Tagen nachzuweisen (7.5% im 2. Wurf). An nicht-additiven Effekten unterscheiden sich ausschließlich die positiven individuellen Dominanzeffekte signifikant von null.

Auch bei der Schlachtleistungsprüfung, die an einer Stichprobe männlicher Tiere im Alter von 85 Tagen durchgeführt wurde, nimmt das Schlachtkörpergewicht der Tiere (280.5 g bis 385.5 g) sowie der Verfettungsgrad in Form des Rückenfettanteils (0.52% bis 0.70%) mit steigendem peruanischen Genanteil zu, die Schlachtkörperlänge bezogen auf das Schlachtkörpergewicht hingegen ab. Es sind ausschließlich individuelle Linienunterschiede nachweisbar im Ausmaß von 37% für das Schlachtkörpergewicht und den Rückenfettanteil bzw. von -19% für die auf das Schlachtkörpergewicht bezogenen Schlachtkörperlänge.

Die Wurfrate für den ersten bzw. zweiten Wurf liegt im Durchschnitt bei 96% bzw. 90%. Wäh-

rend sie im 1. Wurf für alle untersuchten Zuchtgruppen in etwa vergleichbar ist, ist der Anteil Tiere, die einen zweiten Wurf erbringen, bei peruanischen Reinzuchtmüttern (ca. 80%) deutlich niedriger als bei den anderen. Jahr-Saison-Effekte spielen in beiden Würfen eine wichtige Rolle. Die Überlebensrate der weiblichen Zuchttiere bis zur Geburt des 1. Wurfes liegt im Durchschnitt bei 99%. Nach dem 1. Wurf bis zur Geburt des zweiten liegt sie bei 96%, wobei insbesondere bei den peruanischen Reinzuchtmüttern eine im Vergleich zu den anderen Zuchtgruppen erhöhte Mortalität (10%) festgestellt wurde.

Das Erstlingswurfintervall und die Zwischenwurfzeit liegen im Durchschnitt bei 75.4 bzw. 71.2 Tagen, wobei nach den LS-Zuchtgruppenmittelwerten kein genetischer Unterschied zwischen den einzelnen Zuchtgruppen zu erkennen ist. Betrachtet man jedoch die Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr ( $\bar{x}$ : 2.46) so ist bei Paarungstypen mit bolivianischen Müttern tendenziell eine höhere Wurfzahl als bei solchen mit peruanischen Müttern zu beobachten. Nach der Kreuzungsparameterschätzung sind deutliche genetische Effekte erkennbar. Beim Erstlingswurfintervall sind es die Linienunterschiede (5.2%) und negativen Dominanzeffekte (-3 bis -4%) auf der Nachkommenebene. Bei der Zwischenwurfzeit sind ausschließlich Liniendifferenzen sowohl auf der Nachkommen- (3.5%) als auch auf individueller Ebene (3.1%) nachweisbar. Die Parameterschätzung für die Wurfrequenz mit negativen Linienunterschieden von -2.8% sowohl auf individueller als auch auf der Nachkommenebene entspricht den Ergebnissen für die Zwischenwurfzeit.

Nach den LS-Zuchtgruppenmittelwertvergleichen für die Reproduktionsleistung ist ein genetischer Unterschied zwischen den Zuchtgruppen in der Wurfgröße sowohl bei der Geburt als auch beim Absetzen nicht offensichtlich. Nach der Kreuzungsparameterschätzung sind jedoch bei der Wurfgröße bei der Geburt im 1. Wurf negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene nachweisbar - im zweiten deuten sie sich an - sowie negative Linienunterschiede auf der Nachkommenebene im 2. Wurf. Beim Absetzen manifestiert sich nur noch die negative Liniendifferenz im 2. Wurf.

Das Wurfgewicht, das sich aus den Komponenten Wurfgröße und Jungtiergewicht zusammensetzt, wird - bei vergleichbarer Wurfgröße - im wesentlichen durch das Jungtiergewicht bestimmt, wobei die Paarungstypen mit peruanischen Muttertieren, mit Ausnahme der Anpaarung von bolivianischen Böcken mit peruanischen Weibchen (BBxPP), die höchsten Wurfgewichte erzielen, Paarungstypen mit bolivianischen Müttern die niedrigsten. Bei der Kreuzungsparameterschätzung ergeben sich positive Linienunterschiede (auf individueller und/oder maternaler Ebene) für das Wurfgeburtsgewicht von insgesamt knapp 30% in beiden Würfen, wobei im 2. Wurf die negativen additiven Nachkommeneffekte von der Wurfgröße durch die positiven individuellen Linienunterschiede des Jungtiergewichts aufgehoben werden. Auch sind im 1. Wurf negative Dominanzeffekte auf der Nachkommenebene, die von der Komponente der Wurfgröße stammen, nachzuweisen. Die Kreuzungsparameter für das Wurfabsetzgewicht entsprechen im wesentlichen denen des Wurfgeburtsgewichtes.

Die Gesamtproduktivitätskriterien wie Nachkommenzahl oder -gewicht pro Muttertier und Halbjahr umfassen neben den primären Reproduktionsmerkmalen wie der Wurfgröße oder dem Wurfgewicht auch die Wurfrate, Wurfrequenz und die Überlebensrate sowohl der Zuchttiere als auch der Nachkommen. Auf Grund des deutlich unterschiedlichen Gewichts der weiblichen Zuchttiere der verschiedenen Zuchtgruppen, das von 640 g (bolivianische Linie) bis 1040 g (peruanische Linie) reicht, wurde gleichzeitig das metabolische Muttergewicht, das den unterschiedlichen Erhaltungsbedarf der Zuchttiere mitberücksichtigt, als Bezugsgröße herangezogen.

Die Nachkommenzahl im ersten Produktionshalbjahr von der Geburt bis zum Mastende der Nachkommen ist bei der bolivianischen Linie sowohl beim Bezug auf das Muttertier und in viel

größerem Maße beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht der peruanischen deutlich überlegen. Die Kreuzungsgruppen liegen in ihrer Leistung beim Bezug auf das Muttertier in etwa dazwischen, beim Bezug auf das metabolische Körpergewicht sind die Paarungstypen mit leichteren Müttern deutlich denen mit schwereren überlegen. Der Paarungstyp BBxPP fällt durch besonders niedrige Leistungen auf.

Die Ergebnisse der Kreuzungsparameterschätzung zeigen beim Bezug auf das Muttertier deutliche negative Linienunterschiede (-11.6%) und Dominanzeffekte (-10 bis -20%) auf der Nachkommenebene für die Nachkommenzahl bei der Geburt; beim Absetzen und am Mastende kommen zu den negativen Liniendifferenzen auf der Nachkommenebene noch negative individuelle (-8 bis -10%) hinzu, während nicht-additive Effekte nicht mehr nachweisbar sind. Beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht dominieren die negativen Linienunterschiede auf individueller Ebene (-33 bis -36%) von der Geburt bis zum Mastende, auf der Nachkommenebene liegen sie zwischen -7 und -8%. Nicht-additive Effekte deuten sich nur in Form von negativen Dominanzeffekten für die Anzahl der insgesamt geborenen Nachkommen an.

Das Nachkommengewicht pro Muttertier im ersten Produktionshalbjahr bei der Geburt wird in erster Linie durch das Geburtsgewicht der Nachkommen bestimmt, d.h. die Paarungstypen mit bolivianischen Reinzuchtmüttern sind denen mit peruanischen deutlich unterlegen, wobei der Paarungstyp BBxPP auf Grund der äußerst niedrigen Nachkommenzahl eine Ausnahme bildet. Beim Absetzen hingegen sind keine genetisch bedingten Unterschiede zwischen den Zuchtgruppen erkennbar, während 84 Tage post partum die Paarungstypen mit insgesamt höherem peruianischen Genanteil auch höhere Nachkommengewichte erreichen. Beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht sind die Paarungstypen mit leichten (niedriger peruianischer Genanteil) Muttertieren von der Geburt bis zum Mastende tendenziell den anderen überlegen. Ab dem Absetzen werden die höchsten Nachkommengewichte insbesondere von Paarungstypen mit hohem peruianischen Genanteil der Vatertiere und niedrigem der Muttertiere erreicht.

Die Kreuzungsparameterschätzung ergibt für das Nachkommengewicht bei der Geburt positive individuelle Linienunterschiede von 12% beim Bezug auf das Muttertier und noch höhere, jedoch negativ gerichtete (-23%) beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht. Beim Absetzen sind für das auf das Muttertier bezogenen Nachkommengewicht keine Kreuzungseffekte nachweisbar; beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht haben sich die negativen individuellen Linienunterschiede auf ca. -30% verstärkt. 84 Tage post partum sind sowohl beim Bezug auf das Muttertier als auch auf das metabolische Muttergewicht positive Liniendifferenzen auf der Nachkommenebene im Ausmaß von 23% nachweisbar. Während beim Bezug auf das Muttertier keine weiteren Effekte nachweisbar sind, haben die negativ gerichteten additiven individuellen Effekte beim Bezug auf das metabolische Muttergewicht ein Ausmaß von ca. -40% erreicht.

Schließlich werden die genetischen Modelle sowie die Ergebnisse im Gesamtzusammenhang diskutiert, und Empfehlungen für Zuchtssysteme mit den untersuchten Linien für die am Untersuchungsstandort spezifischen saisonalen und wirtschaftlichen Verhältnisse sowie für die Selektion gegeben.

## Resumen

### **Estimación de parámetros de cruzamiento con consideración especial de efectos epistáticos y optimización del procedimiento de cruzamiento en el cuy en Bolivia**

El presente trabajo considera al cuy como fuente nativa de carne en los países andinos de América Latina. El cuy es un animal que puede contribuir en el marco del desarrollo rural a un mejor abastecimiento de carne y, si es posible, crear una fuente de ingreso especialmente para pequeños productores por medio de mejoramiento genético y de manejo.

El objetivo del estudio es estimar los parámetros de cruzamiento, en especial los efectos epistáticos, entre una línea sintética nativa originada en 29 localidades de Bolivia y una línea mejorada importada del Perú bajo un manejo „moderno“ semi-intensivo/semi-extensivo para sacar conclusiones sobre la optimización de sistemas de crianza.

En la introducción se presentan primeramente las particularidades biológicas del cuy. Luego se describen brevemente el significado cultural y social del cuy el cual tradicionalmente es más que sólo una fuente de carne, y el sistema de crianza tradicional. Se señalan posibles dificultades en emplear animales de cría crecidos bajo manejo „moderno“ en sistemas de crianza tradicional y se propone un *Knowledge Network* global en el área de investigación el cual deberá comprender los conocimientos tradicionales y las experiencias de los distintos grupos de investigación en cuyes por todo el mundo.

La parte de la revisión de literatura se compone de tres capítulos: El primero trata tanto los efectos génicos en cruzamientos, en especial los distintos efectos epistáticos en diferentes modelos genéticos como el término o sea el fenómeno de heterosis. Además se describen los efectos de complementaridad y los efectos génicos en diferentes generaciones. El segundo capítulo trata el planeamiento y la optimización de sistemas de cruzamiento. El tercero presenta un panorama general sobre el rendimiento de reproducción y producción del cuy en crianza pura y en cruzamiento.

Las investigaciones propias se basan en los datos de 2857 primeras y segundas camadas o sea 7745 crías nacidas vivas, que resultaron del empadre de 391 machos con 1688 hembras. Se trata de animales de la línea sintética nativa boliviana, desarrollada en el Proyecto Mejocuy de la Universidad Mayor de San Simón de Cochabamba, Bolivia, de la importada línea peruana y de 12 grupos de cruzamiento derivados de esas dos líneas (F1s recíprocos, retrocruzas recíprocas, F2, grupos pre-rotacionales y una línea sintética con 50% de porción de genes peruanos y bolivianos, respectivamente).

La estimación de parámetros de cruzamiento se basa en el modelo Jakubec con tres distintos efectos epistáticos (interacciones aditivo x aditivo, interacciones aditivo x dominancia, interacciones dominancia x dominancia) y en el modelo Dickerson con la pérdida de recombinación como efecto epistático, al nivel individual (progenie), maternal (individual), paternal (pareja macho) y grandmaternal (maternal). A mano de las combinaciones lineales entre los grupos genético descritos por los parámetros de cruzamiento se deriva la estimabilidad teórica de los distintos parámetros tanto para el modelo Jakubec como para el modelo Dickerson. En modelo Jakubec doce de los 20 parámetros son estimables, en el modelo Dickerson ocho de 12.



En un ejemplo se muestra de que no tiene sentido la estimación de todos los parámetros teóricamente estimables por un procedimiento de regresión convencional por razón de la intercorrelación de parámetros (co-linearidad). El número de parámetros por modelo genético se redujo a cinco con un efecto epistático por modelo: modelo Dickerson: gi, hi, ri, gm hm o sea gpr, hpr, rpr, gi, hi; modelo Jakubec aa: gi, di, aai, gm, dm o sea gpr, dpr, aapr, gi, di; modelo Jakubec dd: gi, di, ddi, gm, dm o sea gpr, dpr, ddpr, gi, di (i: individual; m: maternal; pr: progenie). La línea nativa boliviana representa la base de referencia.

Las medias de los grupos genéticos y los parámetros de cruzamiento de las características simples se analizaron separadamente por número de camada para tomar adecuadamente en consideración los distintos efectos ambientales. El análisis del rendimiento de peso y de crecimiento se hizo bajo la consideración de las relaciones de parentesco con un modelo animal. La estimación de los componentes de varianza dió valores estimativos de heredabilidad entre 0.27 y 0.29 para los pesos del nacimiento hasta la edad de 84 días. Los valores estimativos para el incremento de peso del nacimiento al destete (14 días post partum) y del destete hasta la edad de 56 días son 0.19 y 0.16, respectivamente, mientras el incremento de peso entre la edad de 56 y de 84 días no parece tener una base genética ( $h^2=0.03$ ).

La comparación de las medias GLS de los grupos genéticos para el peso de nacimiento y el desarrollo hasta el destete señala una clara influencia maternal en la progenie de hembras de línea pura mientras el desarrollo de peso de la progenie de madres cruzadas depende en primer lugar de las condiciones ambientales externas, las cuales fueron bastante diferentes dentro y entre grupos genéticos. Los efectos de cruzamiento dominantes hasta el destete son las diferencias entre líneas al nivel individual y maternal: En el peso de nacimiento alcanzan 30 a 35 grs o sea 37% del valor GLS estimado para la línea boliviana, en donde predominan los efectos individuales en la primera camada y en la segunda camada los efectos maternales. Negativos efectos epistáticos están aparentando en ambas camadas (-8 a -17%); en la primera camada se muestran además negativos efectos maternales de dominancia (-4 a -6%). En el peso de destete sólo diferencias entre líneas son significantes con una magnitud de 30%. La tasa de supervivencia de las crías del nacimiento al destete es de 91.5% en promedio en ambas camadas, siendo importante sobre todo los efectos de año-estación.

En el desarrollo de peso después del destete se nota una clara diferenciación de los grupos genéticos por porción de genes peruanos. Las diferencias entre líneas individuales son los prevalentes efectos de cruzamiento en el incremento de peso del destete hasta la edad de 84 días, los cuales alcanzan una magnitud de 170 grs a 205 grs o sea 50% (segunda camada) a 80% (primera camada) del valor GLS estimado para la línea boliviana. Además se muestran positivos efectos individuales de dominancia (12-13%) en la segunda camada. En la primera negativas diferencias entre líneas al nivel maternal están aparentando (-5%).

Los pesos corporales a la edad de 56 y 84 días se caracterizan tanto por los efectos del desarrollo de peso hasta el destete como por los efectos de incremento de peso después del destete. Las diferencias entre líneas individuales dominan en el peso de 56 días (36-37%) y en el peso de 84 días (primera camada: 59%; segunda camada: 37%), las maternales que originan de la fase de pre-destete, se notan aún en la edad de 84 días (7.5% en la segunda camada). De los efectos no-aditivos sólo los positivos efectos de dominancia se difieren significativamente de cero.

La prueba de rendimiento de sacrificio está basada en una muestra de animales machos de la edad de 85 días. Tanto el peso de carcaza (280.5 g bis 385.5 g) como el porcentaje de grasa de

lomo (0.52% bis 0.70%) están aumentando con creciente porción de genes peruanos, mientras la relación entre el largo y el peso de carcaza está disminuyendo. Sólo diferencias entre líneas individuales se pueden comprobar con una magnitud de 37% para el peso de carcaza y la porción de grasa de lomo o sea de -19% para el largo de carcaza con relación al peso de carcaza.

La tasa de parturición para la primera y la segunda camada son en promedio 96% y 90%, respectivamente. Mientras que no se notan diferencias entre grupos genéticos para la primera camada, el porcentaje de las hembras peruanas con una segunda camada (80%) es notablemente más bajo que en las otras. Efectos de año-estación son una importante fuente de variación en ambas camadas. La tasa de supervivencia de las hembras hasta el primer parto tiene un promedio de 99%. Después del primer parto hasta el segundo el promedio es de 96%, notándose una mortalidad relativamente elevada en hembras peruanas (10%).

El promedio de los intervalos del primer empadre hasta el primer parto y del primero hasta el segundo parto son de 75.4 y 71.2 días, respectivamente. Según las medias LS de los grupos genéticos no se puede observar una diferencia genética entre grupos. Mientras tanto en el número de camadas por hembra y medio año ( $\bar{x}$ : 2.46) se nota la tendencia de un mayor número de partos en hembras bolivianas comparado con hembras peruanas. La estimación de parámetros de cruzamiento indica claramente la existencia de efectos genéticos: En el intervalo del primer empadre hasta el primer parto se notan diferencias entre líneas (5.2%) y negativos efectos de dominancia (-3 a -4%) al nivel de la progenie. En el intervalo entre los dos partos sólo las diferencias entre líneas tanto al nivel de la progenie (3.5%) como al nivel individual (3.1%) alcanzan significancia. Los parámetros para la frecuencia de camada corresponden a los resultados para el intervalo entre partos: Se notan sólo diferencias entre líneas al nivel de la progenie y al nivel individual (-2.8% respectivamente) las cuales son negativas.

Según la comparación de las medias LS de los grupos genéticos para el rendimiento de reproducción una diferencia entre grupos genéticos en el tamaño de camada tanto al nacimiento como al destete no es obvio. Mientras tanto la estimación de parámetros de cruzamiento indica negativos efectos de dominancia al nivel de la progenie para el tamaño de camada en la primera camada - en la segunda están aparentando - y negativas diferencias entre líneas al nivel de la progenie en la segunda camada. Al destete se manifiestan sólo las negativas diferencias entre líneas en la segunda camada.

El peso de la camada el cual se compone de los elementos tamaño de camada y peso individual de las crías, está determinado principalmente por el peso de las crías, los tipos de apareamiento con hembras peruanas, con excepción del grupo BBxPP alcanzando los pesos de camada más altos, y los tipos de apareamiento con hembras bolivianas los más bajos. La estimación de parámetros de cruzamiento resulta en positivas diferencias entre líneas (al nivel individual y/o maternal) de unos 30% para el peso de la camada al nacimiento en ambas camadas, anulándose los negativos efectos entre líneas al nivel de la progenie originados en el tamaño de camada por las positivas diferencias entre líneas individuales del peso de las crías en la segunda camada. En la primera camada se notan además negativos efectos de dominancia al nivel de la progenie los cuales provienen del componente del tamaño de la camada.

Los criterios de productividad como el número o el peso de la progenie por hembra y medio año comprenden a parte de las características primarias como tamaño y peso de la camada también la tasa de partos, la frecuencia de partos y la tasa de supervivencia tanto de los animales de cría como de la progenie. Por razón de la gran diferencia en peso entre las hembras de los diferentes grupos genéticos el cual se extiende de 640 g (línea boliviana) a 1040 g (línea peruana), se eligió

también el peso metabólico de las hembras como base de referencia considerando así los distintos requerimientos de mantenimiento de las hembras.

El número de progenie en el primer medio año de producción del nacimiento hasta el fin de engorde es en la línea boliviana mayor que en la línea peruana tanto con referencia a la hembra y en mucho mayor grado con referencia al peso metabólico de la hembra. El rendimiento de los grupos cruzados está con referencia a la hembra en medio, con referencia al peso metabólico los tipos de apareamiento con hembras más ligeras superan a los con hembras más pesadas. El grupo BBxPP llama la atención por su rendimiento muy bajo.

Los parámetros de cruzamiento muestran con referencia a la hembra negativas diferencias entre líneas (-11.6%) y negativos efectos de dominancia (-10 a -20%) al nivel de la progenie para el número de la progenie al nacimiento; al destete y al fin de engorde se añaden a las negativas diferencias entre líneas al nivel de la progenie aún negativas diferencias individuales (-8 a -10%), mientras los efectos no-aditivos ya no se pueden comprobar. Con referencia al peso metabólico de la hembra las negativas diferencias entre líneas individuales (-33 bis -36%) están dominando del nacimiento hasta el fin de engorde; al nivel de la progenie están entre -7 und -8%. Efectos no-aditivos aparentan sólo en forma de negativos efectos de dominancia en el número total de crías nacidas.

El peso de la progenie por hembra en el primer medio año de producción al nacimiento está determinado principalmente por el peso de nacimiento de las crías, es decir los tipos de apareamiento con hembras bolivianas son inferiores a los tipos con hembras peruanas, con excepción del grupo BBxPP por su mínimo número de progenie. Al destete ya no se notan diferencias de origen genético entre los grupos genéticos, mientras 84 días post partum los tipos de apareamiento con mayor porción de genes peruanos alcanzan mayores pesos de progenie. Con referencia al peso metabólico de la hembra, los tipos de apareamiento con hembras ligeras (baja porción de genes peruanos) superan los otros. A partir del destete se alcanzan los mayores pesos de progenie sobre todo por tipos de apareamiento con una alta porción de genes peruanos en los machos y una porción baja en las hembras.

La estimación de parámetros de cruzamiento resulta en positivas diferencias entre líneas (12%) para el peso total de la progenie al nacimiento con referencia a la hembra; con referencia al peso metabólico, la magnitud es más alta (-23%) pero con dirección contraria. Al destete no hay efecto significativo con referencia a la hembra; con referencia al peso metabólico las negativas diferencias entre líneas han aumentado (-30%). 84 días post partum se notan positivas diferencias entre líneas de 23% con referencia a la hembra y al peso metabólico. Las negativas diferencias entre líneas al nivel de la progenie con referencia al peso metabólico alcanza una magnitud de -40%.

Finalmente se discuten los modelos genéticos y los resultados en el contexto global y se da recomendaciones para la aplicación de sistemas de crianza con las líneas investigadas bajo las específicas condiciones estacionales y económicas en el lugar del experimento y para medidas de selección.

## Summary

### **Estimation of Crossbreeding Parameters with Special Consideration of Epistatic Effects and Optimisation of Crossbreeding Procedures For Guinea Pigs in Bolivia**

The present study investigates the guinea pig as a native animal for meat production in the Andean countries of Latin America. In the framework of rural development the guinea pig can contribute to a better meat supply and a source of income especially for small holders by improving breeding and management. The objective of this study is to estimate crossbreeding parameters, focusing on epistatic effects, from crossings between a small framed synthetic native line consisting of 29 Bolivian strains and an imported line from Peru selected for body weight, kept under semi-intensive/semi-extensive „modern“ management conditions. Conclusions for the optimisation of breeding systems should also be derivated.

In the introduction the special biological characteristics of the guinea pig are presented briefly. The cultural and social meaning of the guinea pig, traditionally being more than only a meat resource, and the traditional management system are described. Possible difficulties when using „modern“ breeding animals in traditional management systems are pointed out, and a global *Knowledge Network* in the area of investigation including traditional knowledge as well as the experiences of scientific groups on guinea pigs all around the world, is suggested.

The literature review consists of three chapters: In the first one gene effects in crossbreeding, especially the different kinds of epistatic effects in different genetic models and the term of heterosis are treated. Complementarity and gene effects in different generation levels are presented. The second chapter deals with planning and optimising of crossbreeding systems. The third one is a literature review of guinea pig reproduction and production performance in pure- and crossbreeding.

In the present study, data from 2857 first and second litters and 7745 progenies, stemming from the matings of 391 bucks with 1688 dams were analysed. The animals belong to a native synthetic Bolivian line, developed at the Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivia, and an imported Peruvian line as well as to 12 crossbreeding groups derived from these stocks: reciprocal F1s, reciprocal backcrosses, F2, pre-rotational groups and a synthetic line with 50% gene proportion of each purebred line.

The basic model for the estimation of crossbreeding parameters is the Jakubec model with three different kinds of epistatic effects (additive x additive interactions, additive x dominance interactions, dominance x dominance interactions) and the Dickerson model with the recombination loss as epistatic effect on the individual (progeny), maternal (individual), paternal (male mating partner) and grandmaternal (maternal) level. The theoretical estimability of each parameter was derived by describing the breeding groups as linear combinations of crossbreeding effects for the Jakubec and the Dickerson model. In the Jakubec model twelve out of the 20 described parameters are estimable and in the Dickerson model eight out of twelve.

In an example it is shown that the estimation of all theoretically estimable parameters by an unbiased regression procedure doesn't make sense because of the existing inter-correlation between parameters (co-linearity). The number of parameters per genetic model was reduced to five, each model including one epistatic effect: Dickerson model  $g_i$ ,  $h_i$ ,  $r_i$ ,  $g_m$ ,  $h_m$  and  $g_{nk}$ ,  $h_{nk}$ ,  $r_{nk}$ ,

$g_i, h_i$ ; Jakubec model aa:  $g_i, d_i, aa_i, g_m, d_m$  and  $g_{pr}, d_{pr}, aa_{pr}, g_i, d_i$ ; Jakubec model dd  $g_i, d_i, dd_i, g_m, d_m$  and  $g_{pr}, d_{pr}, dd_{pr}, g_i, d_i$  (i: individual, m: maternal, pr: progeny). The synthetic native Bolivian line was considered as reference.

Breeding group means and crossbreeding parameters for single traits were analysed separately for each litter number in order to properly taking into account the differently influencing environmental effects. Weight and growth performance were evaluated using an animal model. Variance components were also estimated: Heritability estimates for weight traits from birth to the age of 84 days vary between 0.27 and 0.29. The estimates for the weight gain from birth to weaning (14 days after parturition) and from weaning to the age of 56 days are 0.19 and 0.16, respectively, while there doesn't seem to be a genetic base for the weight gain from the 56th to the 84th day of age ( $h^2=0.03$ ).

The GLS breeding group means for the birth weight and the weight development to weaning show a clear maternal influence for the progeny of purebred dams, while pre-natal and post-natal weight development of crossbred dams' progeny depend primarily on exterior environmental conditions which were quite different within and between breeding groups. Maternal and individual line differences are the prevailing crossbreeding effects until weaning: For the birth weight they measure about 30-35 g or 37% of the GLS estimate for the Bolivian line, with individual effects dominating in the first litter and maternal effects in the second. Negative epistatic effects (-8 to -17%) outline in both litters. In the first litter also negative maternal dominance effects (-4 to -6%) are significant. For the weaning weight only line differences with a magnitude of about 30% can be detected. Survival rate of the progeny from birth to weaning is about 91.5% in both litters, whereby year season effects play an important role.

In the weight development after weaning a clear differentiation of the breeding groups by Peruvian gene proportion can be recognised. The individual line differences are the dominating crossbreeding effects reaching a magnitude of 170 to 205 g or 50% (2nd litter) to 80% (1st litter) for the weight gain from weaning to the age of 84 days. In the 2nd litter also positive individual dominance effects (12-13%) can be detected. Negative maternal line differences (5%) outline in the first litter. Body weight at 56 and 84 days of age is characterised by the crossbreeding effects on the weight development until weaning and the weight gain after weaning. Nevertheless individual line differences are dominating in the body weight at the age of 56 days (36-37%) as well as in the age of 84 days (1st litter: 59%; 2nd litter: 37%). The maternal ones stemming from the weaning period can still be detected at the age of 84 days (7.5% in the 2nd litter). As non-additive effects only positive individual dominance effects differ significantly from zero.

A slaughter trial was conducted consisting of a sample of male animals at the age of 85 days. Carcass weight (280.5 g to 385.5 g) and backfat percentage (0.52% to 0.70%) increase with increasing Peruvian gene proportion, while the ratio between carcass length and carcass weight is declining. Only line differences in the magnitude of 37% for carcass weight and backfat percentage and of -19% for carcass length ratio, respectively, can be detected.

Parturition rates for the first and second litter average 96 and 90%, respectively. For the first parturition there is no difference between breeding groups, while the proportion of Peruvian dams having a second litter (80%) is substantially lower than that of others. Year season effects are of great importance in both litters. The dams' survival rate until first parturition and after first parturition to the second averages 99% and 96%, respectively. Mortality of Peruvian dams after first parturition (10%) was markedly higher than that of others.

The interval between first mating and first parturition and between first and second litter average 75.4 and 71.2 days, respectively. Comparing the LS-breeding group means no genetic difference between breeding groups can be detected. Considering the number of litters per dam and half

year ( $\bar{x}$ : 2.46) there is a clear tendency for more progenies in mating types with Bolivian dams than in those with Peruvian dams. Crossbreeding parameter estimation shows clearly the existence of genetic effects. For the interval until first parturition positive line differences (5.2%) and negative dominance effects (-3 to -4%), both on the progeny level, can be detected. For the interval between first and second litter only line differences, on the progeny level (3.5%) and on the individual level (3.0%) are shown. The parameters for number of litters per half year correspond to those of the interval between first and second litter: They consist in negative line differences with a magnitude of -2.8% on both individual and progeny level, respectively.

Comparing the breeding group means for litter size at birth and at weaning, a genetic difference between breeding groups is not obvious. Crossbreeding parameter estimation for litter size at birth shows negative dominance effects on the progeny level in the first litter - in the second they outline - as well as negative line differences on the progeny level in the second litter. At weaning only the negative line differences in the second litter can be detected.

Litter weight, consisting of the components litter size and kid body weight is primarily determined by kid body weight. Mating types with Peruvian dams - with the exception of BBxPP - achieve highest litter weights, mating types with Bolivian dams lowest. Crossbreeding parameter estimation for litter weight at birth shows positive line differences (on the progeny and/or individual level) in the magnitude of app. 30% in both litters, whereby the negative additive progeny effects from litter size are compensated by the positive individual line differences in kid body weight. In the first litter negative dominance effects on the progeny level originating from the litter size component can be detected, too. Crossbreeding parameters for litter weight at weaning correspond mainly to those for litter weight at birth.

Productivity criteria such as number or weight of progeny per dam and half year comprise beside the primary reproduction traits as litter size or litter weight also parturition rate, litter frequency and survival rate of breeding animals and progeny. Because of the marked difference in dam body weight ranging from 640 g (Bolivian line) to 1040 g (Peruvian line), also metabolic dam weight which takes into account the different requirements of maintenance was considered as reference.

Bolivian dams excel in the number of progeny per dam and in a much higher degree per metabolic dam weight that of Peruvian ones from birth until 84 days after parturition during the first half year of production. The performance of crossbred dams, with the dam as reference, lies about in between, with reference to the metabolic dam weight, mating types with lighter dams are markedly superior to heavier ones. The mating type BBxPP shows exceptionally low performance.

Crossbreeding parameter estimation shows negative line differences (-11.6%) and dominance effects (-10 to -20%) on the progeny level for number of progeny per dam at birth. At weaning and 84 days after parturition additionally to the negative line differences on the progeny level negative individual ones (-8 to -10%) can be detected while non-additive effects are not significant. Taking the metabolic dam weight as reference, negative individual line differences (-33 to -36%) are dominating from birth until 84 days after parturition. On the progeny level they have the magnitude of -7 to -8%. Non-additive effects only outline as negative dominance effects on the progeny level for the number of total progeny born.

The progeny weight per dam at parturition in the first half year of production is primarily determined by the progeny's birth weight, i.e. mating types with Bolivian dams are substantially inferior to those with Peruvian dams, except the mating type BBxPP for its very low performance in progeny number. At weaning, however, no genetic differences between breeding groups can be recognised. 84 days after parturition mating types with a higher Peruvian gene proportion in total

also achieve higher progeny weights. With reference to the metabolic dam weight, mating types with lighter dams (low Peruvian gene proportion) are superior to the others. After weaning highest progeny weights are achieved by mating types with a high Peruvian gene proportion in the sires and a low one in the dam.

Crossbreeding parameter estimation results in positive individual line differences (12%) for the progeny weight per dam and half year at birth. With reference to the metabolic dam weight those line differences are negative with a magnitude of -23%. At weaning no crossbreeding effect can be detected for the progeny weight per dam while per metabolic dam weight the negative individual line differences have risen to -30%. 84 days after parturition positive line differences on the progeny level (23%) can be detected for both references (dam and metabolic dam weight). While with reference to the dam no other effects are significant, the negative additive individual effects have reached a magnitude of -40% with relation to the metabolic dam weight.

Finally the genetic models and the results are discussed in a global context and recommendations are derived for breeding systems and selection for the investigated lines under the specific seasonal and economical conditions prevailing at Cochabamba, Bolivia.

## 7 Literaturverzeichnis

- AGGREY, S.E., LIN, C.Y., CHENG, K.M., 1995: Size of Breeding Populations Required for Selection Programs. *Theor. Appl. Genet.* 91: 553-556
- ALBA FERNANDEZ, M.R., 1990: Maduración sexual del cuy doméstico macho (*cavia porcellus*). Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- ALEND, R. & MARTIN, T.G., 1981: Estimation of Genetic and Maternal Effects in Crossbred Angus, Charolais and Hereford Parentage. III. Optimal Breed Composition of Crossbreds. *J. Anim. Sci.* 53 (2): 347-353
- ALIAGA BALDEON, F.R., 1990: Cruzamiento de cuyes hembras criollas con machos mejorados en el distrito de Sicaya. Tesis, Universidad Nacional del Centro del Perú, Huancayo, Peru
- ALVAREZ GARCIA, C., 1993: Comparación de los caracteres productivos entre dos líneas de cuyes mejorados. Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- ANDRESEN, E. & CHRISTENSEN, K., 1981: Physiological Explanations of Heterosis. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- ANDRITZKY, W., 1987: Die Reinigung mit dem Meerschweinchen (limpia del cuy): Zur ethnohistorischen Kontinuität einer rituellen Heilmethode in Peru. *SALIX, Zeitschrift für Ethnomedizin* 3,2: 7-35
- ARCHETTI, E., 1992: El mundo social y simbólico del cuy. Centro de Planificación y Estudios Sociales - CEPLAES, Quito, Ecuador, ISBN 9978-93-002-7
- AREVALO GARAZATUA J., 1982: Parámetros genéticos del peso de camada al nacimiento y al destete en cuyes (*Cavia porcellus*). in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia* sp.) Vol.4, Número Especial, 1994
- ARROYO BARRETO, O., 1986: Avances de investigación sobre cuyes en el Perú. Programa Nacional de Sistemas Agropecuarios Andinos, INIPA Informe Técnico No. 7, Lima - Peru
- ATEHORTUA, J. & CAYCEDO, A., 1977: Situación y perspectivas de curies en el departamento de Nariño. IICA-OEA. Serie de Conferencias y Reuniones 120: 78-97
- ATKINSON, A.C., 1988: Recent Developments in the Methods of Optimum and Related Experimental Designs. *International Statistical Review* 56 (2): 99-115
- AUMANN, J., 1986: Modellversuch mit Mäusen zur Schätzung von Kreuzungswirkungen unter Berücksichtigung der Epistasie. Dissertation, Technische Universität München - Weihenstephan
- AZUGA SELAYA, M., 1993: Respuesta a la selección en tres ciclos, en dos líneas de mejoramiento de cuyes nativos bolivianos y una de cuyes peruanos (*Cavia porcellus* a.). Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- BAKER, R.L., 1980: The Role of Maternal Effects on the Efficiency of Selection in Beef Cattle - a Review. *Proc. New Zealand Society of Anim. Prod.* 40: 285-303
- BAKSALARY, J.K., PORDZIK, P.R., TRENKLER, G., 1990: A Note on Generalized Ridge Estimators. *Commun. Statist.-Theor. Meth.* 19 (8): 2871-2877



- BALBIN NAJARRO, R.R., 1990: Parámetros genéticos del peso de camada al nacimiento y al destete en cuyes. Tesis, Universidad Nacional del Centro del Perú, Huancayo, Peru
- BARKER, J.S.F., 1979: Inter-Locus Interactions: A Review of Experimental Evidence. *Theoretical Population Biology* 16: 323-346
- BARLOW, R., 1981: Experimental Evidence for Interaction between Heterosis and Environment in animals. *ABA* 49: 715-737
- BECKER, H.C., 1984: Theoretische Überlegungen und experimentelle Untersuchungen zur genetischen Basis der Heterosis - Eine Literaturübersicht. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 5: 23-42
- BELSLEY, D.A., KUH, E., WELSCH, R.E., 1980: Regression Diagnostics: Identifying Influential Data and Sources of Collinearity. John Wiley & Sons, ISBN 0-471-05856-4
- BENNETT, G.L., 1987a: Periodic Rotational Crosses: I. Breed and Heterosis Utilization. *J. Anim. Sci.* 65: 1471-1476
- BENNETT, G.L., 1987b: Periodic Rotational Crosses: II. Optimizing Breed and Heterosis Use. *J. Anim. Sci.* 65: 1477-1486
- BENNETT, G.L., 1987c: Periodic Rotational Crosses. III. Sire-Breed Rotations with Overlapping Generations among Dams. *J. Anim. Sci.* 65: 1487-1494
- BENNETT, G.L., TESS, W.M., DICKERSON, G.E., JOHNSON, R.K., 1983: Simulation of Breed and Crossbreeding Effects on Costs of Pork Production. *J. Anim. Sci.* 56: 801-813
- BERRYMAN, J.C., 1976: Guinea-pig Vocalizations: Their Structure, Causation and Function. *Z. Tierpsychol.* 41: 80-106
- BIBE, B., FREBLING, J., MENISSIER, F., VISSAC, B., 1976: Optimal Crossbreeding Plans. in: Mason, I.L. and Pabst, W. (Eds): *Crossbreeding Experiments and Strategy of Beef Utilization to Increase Beef Production, A Seminar on Research on Beef Production, Verden, Germany, February 9-11, 1976*: 34-54
- BIDANEL, J.P., 1993: Estimation of Crossbreeding Parameters between Large White and Meishan Porcine Breeds. III. Dominance and Epistatic Components of Heterosis on Reproductive Traits. *Genet.Sel.Evol.* 25: 263-281
- BIRRUETA MORALES, F.R., 1995: Consumo de concentrado con niveles mínimos de alfalfa (medicago sativa L.) en la época de invierno en cuyes (cavia aperea porcellus). Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- BOETTCHER, P.J., KUHN, M.T., FREEMAN, A.E., 1996: Impacts of Cytoplasmatic Inheritance on Genetic Evaluations. *J.Dairy Sci.* 79: 663-675
- BOLTON, R. & CALVIN, L., 1981: El cuy en la cultura peruana contemporánea. in: *La Tecnología en el mundo andino*
- BORTZ, J., 1993: *Statistik für Sozialwissenschaftler*. 4. Auflage, Springer Verlag, ISBN 3-540-56200-1
- BOWMAN, J.C., 1959: Selection for Heterosis. *ABA* 27 (3): 261-273

- BRANDT, H., 1995: Purebred and Crossbred Information in Crossbreeding Programmes in Pigs. 3rd Prague Workshop on Crossbreeding in Farm Animals, Oct. 5-8, 1995
- BROWN, D.R., DENISE, S.K., McDANIEL, R.R., 1987: Phenotypic Variation in Respiratory Metabolism and Complementation of Murine Hepatic Mitochondria. *Theor. Appl. Genet.* 75: 189-193
- BRUN, J.M., & ROUVIER, R., 1984: Effets génétiques sur les caractères des portées issues de trois souches de lapin utilisées en croisement. *Génét. Sél. Evol.* 16: 367-384
- BRUN, J.M., & ROUVIER, R., 1988: Paramètres génétiques des caractères de la portée et du poids de la mère dans le croisement de deux souches de lapin sélectionnées. *Génét. Sél. Evol.* 20 (3): 367-378
- BRUNSCH, C., LEUTHOLD, G., REINECKE, R., PHILIPP, U., KOEPKE, K., LEUCHT, W., 1996: Characterization of Heterosis Effects Using DNA Marker Analysis. XXVI. Ovari Tudományos Napok, 25.-26.09.1996, Mosonmagyaróvár Pannon Agrártudományi Egyetem
- CABALLERO, A., SANTIAGO, E., TORO, M.A., 1996: Systems of Mating to Reduce Inbreeding in Selected Populations. *Animal Science* 62: 431-442
- CAHILL MANGUDO, J.R.A., 1990: Descripción fenotípica del cuy nativo boliviano. Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- CARDENAS SOSA, F.R., 1989: Índice de herencia en cuyes (*Cavia porcellus*) para pesos al nacimiento y destete. in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia* sp.) Vol.4, Número Especial, 1994
- CARTWRIGHT, T.C., 1970: Selection Criteria for Beef Cattle for the Future. *J. Anim. Sci.* 30: 706-711
- CARTWRIGHT, T.C., FITZHUGH, H.A., LONG, C.R., 1975: Systems Analysis of Sources of Genetic and Environmental Variation in Efficiency of Beef Production: Mating Plans. *J. Anim. Sci.* 40 (3): 433-443
- CASTELLON REYNAGA, D.T., 1989: Componentes de la variación genética, heredabilidad y heterosis para algunos caracteres de importancia económica del "Q'UOI" (*cavia porcellus*). Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- CASTRO BERRIOS, R.A., 1974: Estudio de pesos en cuyes (*Cavia porcellus*) y su interrelación. in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia* sp.) Vol.4, Número Especial, 1994
- CAYCEDO VALLEJO, A., 1993: Aspectos de investigación en nutrición de cuyes e industrialización de su carne. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- CHAND, V.S., de LIMA VIDAL, A.E., NIVSARKAR, A.E., GUPTA, A.K., 1998: Role of Farmers in Use, Development and Maintenance of Animal Genetic Resources: Building Upon Indigenous Knowledge and Institutions. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vol 28: 81-88
- CHAUCA FRANCIA, L., QUIJANDRIA SALMON, B., SARAVIA DAVALOS, J., MUSCARI GRECO, J., 1986: Evaluación de cuyes mejorados (*Cavia porcellus*) en cruzamiento con cuyes criollos. in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia* sp.) Vol.4, Número Especial, 1994

- CHAUCA, L., 1993a: Sistemas de crianza de cuyes (*cavia porcellus*). Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- CHAUCA, L., 1993b: Nutrición y alimentación de cuyes (*cavia porcellus*). Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- CHAUCA, L., 1993c: Sistemas de producción de cuyes. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- CHAUCA, L., 1995: Producción de cuyes (*Cavia porcellus*) en los países andinos. *World Animal Review* 83: 9-19
- CHAUCA, L., 1997: Post producción y estrategias de comercialización de cuyes (*Cavia porcellus*) en el Perú. Memorias, Seminario Taller sobre Nuevos Avances en la Cuyecultura Latinoamericana, 4-7 Junio, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- CHAVEZ, J.F., 1993: Mejoramiento genético de cuyes en el Perú. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- CHEEKE, P.R., 1986: Potential of Rabbit Production in Tropical and Subtropical Agricultural Systems. *J. Anim. Sci.* 63: 1581-1586
- CHUQUILLANQUI MEZA, E., 1987: Digestibilidad de la *Phalaris tuberinacea* en Cuyes. Tesis, Universidad Nacional del Centro de Perú, Huancayo, Peru
- CICOGNA, M., CASTROVILLI, C., RIGONI, M., CREPALDI, P., 1994: Effects of Different Breeding and Mating Systems on the Productivity of the Guinea Pig, a Mini-livestock Raised for Meat Production in the Tropics. *Rivista di Agricltura Subtropicale e Tropicale* 88: 129-144
- COCKERHAM, C.C., 1954: An Extension of the Concept of Partitioning Hereditary Variance for Analysis of Covariances Among Relatives when Epistasis is Present. *Genetics* 39: 859-882
- COCKERHAM, C.C., 1980: Random and Fixed Effects in Plant Genetics. *Theor. Appl. Genet.* 56: 119-131
- CORRALES ALVARADO, J.R., 1996: Análisis de mercado y mercadeo para la carne de cuy en el área urbana de Cochabamba. Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- CORRALES ALVARADO, J.R., 1997: Comercialización de cuyes en el área urbana de Cochabamba. Memorias, Seminario Taller sobre Nuevos Avances en la Cuyecultura Latinoamericana, 4-7 Junio, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- CROW, J.F., 1952: Dominance and Overdominance. in: J.W. Gowen (ed): *Heterosis. A record of researches directed toward explaining and utilizing the vigor of hybrids*, Iowa State College Press: 282-297
- CUNNINGHAM, E.P., 1981: Theoretical Aspects of Different Crossbreeding Structures. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- CUNNINGHAM, E.P., 1982: The Genetic Basis of Heterosis. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid
- CUNNINGHAM, E.P., 1987: Crossbreeding - The Greek Temple Model. *J. Anim. Breed. Genet.* 104: 2-11

- D'ERCHIA, A.M., GISSI, C., PESOLE, G., SACCONI, C., ARNASON, U., 1996: The Guinea Pig is not a Rodent. *Nature* 381: 597-600
- DAVIS, G.P. & ARTHUR, P.F., 1994: Crossbreeding Large Ruminants in the Tropics: Current Knowledge & Future Directions. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Guelph, Ontario, Canada Vol.20: 332-339
- DEMPFLE, L., 1975: A Note on Increasing the Limit of Selection Through Selection Within Families. *Genet.Res.*, Camb. 24: 127-135
- DIAZ, B., 1993: Utilización de grano germinado de trigo y/o cebada en la alimentación de cuyes mejorados durante las etapas de gestación y lactancia. *Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura*, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- DICKERSON, G., 1969: Experimental Approaches in Utilising Breed Resources. *ABA* 37: 191-202
- DICKERSON, G., 1970: Efficiency of Animal Production - Molding the Biological Components. *J. Anim. Sci.* 30: 849-859
- DICKERSON G., 1973: Inbreeding and Heterosis in Animals. *Proc. Anim. Breed. Gen. Symp.in Honor of Dr. Jay L. Lush*:54-77
- DIETL, G., 1989: Modelle und Methoden zur Berücksichtigung von Maternaleffekten bei der Parameterschätzung. 7. Symposium "Populationsgenetische Grundlagen und ihre Umsetzung in der Tierzucht", Leipzig
- DILLARD, E.U., VACCARO, R., LOZANO, J., ROBISON, O.W., 1972: Phenotypic and Genetic Parameters for Growth in Guinea Pigs. *J.Anim.Sci.* 34 (2): 193-195
- DZAPO, V. & WASSMUTH, R., 1982: Mitochondriale Komplementation und reproduktive Kombinationseignung beim Schwein. *Z. Tierzüchtg Züchtgsbiol.* 99: 123-138
- DZAPO, V. & WASSMUTH, R., 1983: Mitochondrialer Stoffwechsel und heterotische Effekte beim Schwein. Ergebnisse eines reziproken Kreuzungsversuches. II. Atmungsaktivität und oxydative Phosphorylierung in Herz-, Leber- und Hodenmitochondrien. *Z. Tierzüchtg Züchtgsbiol.* 100: 280-295
- EBERHART, S.A. & GARDNER, C.O., 1966: A General Model for Genetic Effects. *Biometrics* 22: 864-881
- EDWARDS, M.J., 1966: Prenatal Loss of Foetuses and Abortion in Guinea-pigs. *Nature* 210: 223-224
- EHRHARDT-DZIAMBOR, R., 1992: Schätzung der Schlachtleistung und Produktivität sowie von Kreuzungszuchtparametern bei einer Rotationskreuzung zwischen Schweinen der Rassen Piétrain und Deutsche Landrasse. *Dissertation, Technische Universität Berlin*
- EISEN, E.J., HÖRSTGEN-SCHWARK, G., SAXTON, A.M., BANDY, T.R., 1983: Genetic Interpretation and Analysis of Diallel Crosses with Animals. *Theor.Appl.Genet.* 65: 17-23
- ELLERMAN, J.R., 1940: The Families and Genera of Living Rodents. *Brit. Mus. Natur. Hist.* 1: 237-248
- ENGSTRÖM, G., McMILLAN, I., McKAY, L., QUINTON, M., 1996: Comparison of Mating Systems in a Fish Population: a Simulation Study. *J. Anim. Breed. Genet.* 113: 559-566

- ERGUETA AYOROA, R., 1990: Estudio de parámetros genéticos en cuyes mejorados de la Tamborada. Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- ERICSON, K., 1988: Genetic Improvement through Crossbreeding in Dairy Cattle. Breeding Systems and Economical Breeding Planning, Post graduate course 15-26 August, Tüne, Denmark
- ESPIRITU MACHUCA, 1978: Engorde de cuyes a base de forraje más concentrado para el acabado. Tesis, Universidad Nacional del Centro de Perú, Huancayo, Peru
- ESSL, A., 1987: Statistische Methoden in der Tierproduktion. Verlagsunion Agrar, ISBN: 3-7040-0859-1
- ESSL, A., HAIGER, A., STEINWENDER, R., 1987: Vergleichsversuch von Braunvieh mit Brown Swiss- und Holstein Friesian-Kreuzungen 8. Mitteilung: Schätzung von Kreuzungsparametern. Die Bodenkultur 38: 351-361
- EVELEIGH, J.R., 1980: The Breeding Performance of the Pirbright Dunkin-Hartley Guineapig after Discontinuing the Feeding of Green Food as a Supplement, with Particular Reference to Productivity. Laboratory Animals 14: 55-57
- EVELEIGH, J.R. & WILLIAMS, H.L., 1981: Litter Size and the Pirbright Dunkin Hartley Guinea Pig. Journal of the Institute of Animal Technicians 32 (1): 31-36
- EVELEIGH, J.R., McLAUGHLIN, S.H., WILLIAMS, H.L., 1987: Stillbirths and the Pirbright Dunkin Hartley Guinea Pig. Animal Technology 38 (3): 191-200
- FAIRFULL, R.W., GOWE, R.S., NAGAI, J., 1987: Dominance and Epistasis in Heterosis of White Leghorn Strain Crosses. Can. J. Anim. Sci. 67: 663-680
- FAJARDO INSUASTY, P.A., 1997: Utilización de la hoja de calabaza (Cucurbita pepo L.) en la alimentación de cuyes en comunidades de minifundio. Memorias, Seminario Taller sobre Nuevos Avances en la Cuyecultura Latinoamericana, 4-7 Junio, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- FALCONER, D.S., 1984: Einführung in die quantitative Genetik. Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, UTB 1334; ISBN: 3-8001-2532-3
- FEWSON, D., 1980: Inzucht und Fremdzucht. in: G. Comberg (Herausgeber): Tierzüchtungslehre, Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, ISBN: 3-8001-2125-5
- FEWSON, D., 1974: Crossbreeding in Farm Animals. Proc. Working Symposium Breed Evaluation and Crossbreeding Experiments, Zeist, 1974
- FEWSON, D., OTT, A., SCHULTE-COERNE, H., 1975: Einkreuzung von Brown-Swiss-Tieren aus den USA in das württembergische Braunvieh. Züchtungskunde 47: 382-392
- FIEDLER, C., 1992: Experimentelle Untersuchungen zur Biotechnik beim Meerschweinchen. Dissertation Humboldt-Universität zu Berlin
- FIMLAND, E., 1981: Methods of Estimating the Effects of Heterosis. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- FISCHER, H.E., 1978: Heterosis. VEB Gustav Fischer Verlag, Jena
- FISCHER, R., 1998: Schätzung genetischer Parameter für Reinzucht- und Kreuzungsleistungen beim Schwein. Dissertation, Martin-Luther-Universität Halle Wittenberg

- FOX, J., 1984: Linear Statistic Models and Related Methods With Application to Social Research. John Wiley & Sons, ISBN: 0-471-09913-9
- FOX, J., 1991: Regression Diagnostics. SAGE Publications, ISBN: 0-8039-3971-X
- FRANKEL, R., 1983: Heterosis. Reappraisal of Theory and Practice. Springer-Verlag, ISBN: 3-540-12125-0 bzw. 0-387-12125-0
- FU, Y., 1995: Schätzung von Kreuzungsparametern für Reproduktionsmerkmale bei einer Rotationskreuzung zwischen Schweinen der Rassen Piétrain und Deutsche Landrasse. Dissertation, HU/TU Berlin, Verlag Dr. Köster Berlin, ISBN: 3-89574-054-3
- GALINDO ARANIBAR, J.G.B., 1994: Evaluación de características reproductivas y productivas de cuyes (*cavia porcellus* a.) en tres grupos genéticos, rotativo peruano, rotativo boliviano y F3. Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- GARCIA, J.J., 1995: Persönliche Mitteilung.
- GARDNER, C.O. & EBERHART, S.A., 1966: Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. *Biometrics* 22: 439-452
- GIBSON, J.P., FREEMAN, A.E., BOETTCHER, P.J., 1997: Cytoplasmatic and Mitochondrial Inheritance of Economic Traits in Cattle. *Livestock Production Science* 47: 115-124
- GLODEK, P., 1969: Zuchtverfahren zur Ausnutzung der Heterosis und ihre Anwendung in der Schweinezucht. *Zeitschrift für Tierzüchtung und Züchtungsbiologie* 86: 127-135
- GLODEK, P., 1994: Genetik quantitativer Merkmale. in H. Kräusslich (Herausgeber): *Tierzüchtungslehre*, Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, ISBN: 3-8001-4371-2
- GNOT, S., TRENKLER, G., ZMYSLONY, R., 1995: Nonnegative Minimum Biased Quadratic Estimation in the Linear Regression Models. *J. Multivariate Analysis* 54 (1): 113-125
- GODDARD, M.E., 1987: Policy of Selecting Bulls to Breed Bulls. *Anim.Prod.* 44: 29-38
- GÖTZ, K.-U., 1989: Entwicklung der Kreuzungseignung bei Selektion auf quantitative Merkmale Ein Modellversuch bei Mäusen. Dissertation, Göttingen
- GOY, R.W., HOAR, R.M., YOUNG, W.C., 1957: Length of Gestation in the Guinea Pig With Data on the Frequency and Time of Abortion and Stillbirth. *Anat. Rec.* 128: 747-757
- GREGORY, K.E. & CUNDIFF, L.V., 1980: Crossbreeding in Beef Cattle: Evaluation of Systems. *J. Anim. Sci.* 51 (5): 1224-1242
- GREGORY, K.E., CUNDIFF, L.V., KOCH, R.M., 1982: Comparison in Crossbreeding Systems and Breeding Stocks Used in Suckling Herds of Continental and Temperate Areas. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 5: 482-503
- GREGORY, K.E., CUNDIFF, L.V., KOCH, R.M., 1994: Breed Effects, Dietary Energy Density Effects, and Retained Heterosis on Different Measures of Gain Efficiency in Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 72: 1138-1154

- GREGORY, K.E., CUNDIFF, L.V., KOCH, R.M., DIKEMAN, M.E., KOOHMARAIE, M., 1994: Breed Effects, Retained Heterosis, and Estimates of Genetic and Phenotypic Parameters for Carcass and Meat Traits of Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 72: 1174-1183
- GRIFFING, B., 1956: Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9: 463-493
- GROENEVELD, E., 1998: VCE4 User's Guide and Reference Manual Version 1.1. Institute of Animal Husbandry and Animal Behaviour, Mariensee, Federal Agricultural Research Center (FAL), Neustadt
- GROENEVELD, E., KOVAC, M., WANG, T., 1990: PEST, a General Purpose BLUP Package for Multivariate Prediction and Estimation. 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh Vol.13: 488-491
- GROSSHANS, T., 1993: Schätzung von Kreuzungsparametern für Milchleistungsmerkmale in der Neuzuchtphase des Schwarzbunten Milchrindes (SMR). Dissertation, Humboldt-Universität zu Berlin
- GRUNDY, B., 1994: Design of Structured Pig Breeding Programmes. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada Vol.18: 251-254*
- GRUNDY, B., CABALLERO, A., SANTIAGO, E., HILL, W.G., 1994: A Note on Using Biased Parameter Values and Non-Random Mating to Reduce Rates of Inbreeding in Selection Programmes. *Anim. Prod.* 59: 465-468
- GUNST, R.F. & MASON, R.L., 1980: Regression Analysis and its Application. Marcel Dekker, Inc., New York, ISBN 0-8247-6993-7
- HAMMOND, K., 1982: Development of Synthetic Cattle Populations. 33rd Annual Meeting of EAAP, Leningrad
- HANSEN, C.T. & McELENY, W.J., 1971: Strain and Season Differences in the Reproductive Performance of Inbred Strains of Mice, Rats, and Guinea Pigs. in: *Defining the Laboratory Animal, IV Symposium, International Committee on Laboratory Animals, National Academy of Sciences*, ISBN 0-309-01862-5
- HARDOUIN, J., 1992: Place du mini-élevage dans le développement rural tropical. *Cahiers Agricultures* 1: 196-199
- HARRIS, D.L., 1970: Breeding for Efficiency in Livestock Production: Defining the Economic Objectives. *J. Anim. Sci.* 30: 860-865
- HAYES, H.K., 1952: Development of the Heterosis Concept. in: J.W. Gowen (ed): *Heterosis. A record of researches directed toward explaining and utilizing the vigor of hybrids*, Iowa State College Press: 49-65
- HENDERSON, C.R., 1952: Specific and General Combining Ability. in: J.W. Gowen (ed): *Heterosis. A record of researches directed toward explaining and utilizing the vigor of hybrids*, Iowa State College Press: 352-370
- HERRENDÖRFER, G. & SUMPF, D., 1995: Design of a Complete a x a Diallel for Estimation of All Parameters in the Griffing Model. 3rd Prague Workshop on Crossbreeding in Farm Animals, Oct. 5-8, 1995

- HICKMAN, C.G., 1982: Nature and Utilization of Heterosis: Experimental Results from Sheep and Cattle. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 4-8 October 1982, Madrid, Vol 6
- HICKMAN, C.G., 1984: Management Aspects of Animal Genetic Resources. Proc. 2nd World Congress on Sheep and Beef Cattle Breeding, 16-19 April 1984, Pretoria, South Africa: 115-135
- HILL, W.G., 1970: Theoretical Aspects of Crossbreeding. Proc. EAAP, Gödöllő, Ungarn
- HILL, W.G., 1981: The Genetic Basis of Heterosis. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- HILL, W.G., 1982: Dominance and Epistasis as Components of Heterosis. J. Anim. Breed. Genet. 99: 161-168
- HILL, W.G., 1985: Effects of Population Size on Response to Short and Long Term Selection. Z. Tierzüchtg Züchtgsbiol. 102: 161-173
- HILL, W.G., 1986: Population Size and Design of Breeding Programmes. 3rd World Congress on Genetics Appl. to Livestock Production, Lincoln, Nebraska, Vol 12: 245-256
- HIRSCH, E., 1973: Some Determinants of Intake and Patterns of Feeding in the Guinea Pig. Physiology and Behavior 11: 687-704
- HOERL, A.E. & KENNARD, R.W., 1970a: Ridge Regression: Biased Estimation for Nonorthogonal Problems. Technometrics 12: 55-67
- HOERL, A.E. & KENNARD, R.W., 1970b: Ridge Regression: Application to Nonorthogonal Problems. Technometrics 12 (1): 69-82
- HOHENBOKEN, W.D., 1985: Maternal Effects. in: A.B. Chapman (editor): World Animal Science, A4: General and Quantitative Genetics, Elseviers Science Publishers e.V., ISBN0-444-42203-X
- HORST, P., 1984: Livestock Breeding for 'Productive Adaptability' to Unfavourable Environments. Proc. 2nd World Congress on Sheep and Beef Cattle Breeding, 16-19 April 1984, Pretoria, South Africa: 165-176
- HORST, P., 1989a: Bedeutung von Majorgenen für die Hühnerzucht. Jahrbuch für die Geflügelwirtschaft: 23-27
- HORST, P., 1989b: Bedeutung von Majorgenen beim Huhn für die Verbesserung von Mastleistung und Produktqualität am tropischen Standort. 32. Internationale Geflügelvortragstagung, Leipzig
- HORST, P., 1994: Zuchtstrategien für tropische Standorte. in H. Kräusslich (Herausgeber): Tierzüchtungslehre, Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, ISBN: 3-8001-4371-2
- HORST, P. & MATHUR, P.K., 1990: Genetic Aspects of Adaptation to Heat Stress. Proc. 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 286-296
- HÖRSTGEN-SCHWARK, G., EISEN, E.J., SAXTON, A.M., BRANDY, T.R., 1984: Reproductive Performance in a Diallel Cross among Lines of Mice Selected for Litter Size and Body Weight. J. Anim. Sci. 58: 846-862
- HÜCKINGHAUS, F., 1961: Zur Nomenklatur und Abstammung des Hausmeerschweinchens. Zeitschrift für Säugetierkunde 26: 108-111



- JAKUBEC, V., 1993a: A General Model for Fixed Effects in Poultry. Proc. 10th International Symposium on Current Problems of Avian Genetics, Nitra, Slovakia, June 7-10, 1993
- JAKUBEC, V., 1993b: Obecný model pro genetické efekty v slechtění zvířat. *Zivocisna Vyroba* 1993: 861-873
- JAKUBEC, V. & FEWSON, D., 1970a: Ökonomische und genetische Grundlagen für die Planung von Gebrauchskreuzungen beim Schwein. *Züchtungskunde* 42: 294-309
- JAKUBEC, V. & FEWSON, D., 1970b: Ökonomische und genetische Grundlagen für die Planung von Gebrauchskreuzungen beim Schwein. 1. Konstruktion von Gewinnfunktionen. *J. Anim. Breed. Genet.* 87: 2-13
- JAKUBEC, V. & NITTER, G., 1986: Theoretical Principles of Forming New Breeds and Synthetic Lines. 37th Annual Meeting of EAAP, Budapest
- JAKUBEC, V. & REHACEK, E., 1985: Optimization of Hybridization Systems. 6th International Symposium on Actual Problems of Avian Genetics, Smolenice, Slovakia
- JAKUBEC, V., HYANEK, J., 1982: Quantitative Analysis of Components of Hybridization. *Livestock Prod. Sci.* 9: 639-651
- JAKUBEC, V., KOMENDER, P., NITTER, G., FEWSON, D., SOUKUPOVA, Z., 1987: Crossbreeding in Farm Animals I. Analysis of Complete Diallel Experiments by Means of Three Models with Application to Poultry. *J. Anim. Breed. Genet.* 104: 283-294
- JAKUBEC, V., NITTER, G., KOMENDER, P., FEWSON, D., SOUKUPOVA, Z., 1988: Crossbreeding in Farm Animals II. Analysis of a Diallel Experiment for Sex-Linked Effects with Application to Poultry. *J. Anim. Breed. Genet.* 105: 26-35
- JAKUBEC, V., WOLF, J., HYANEK, J., 1991: Additive, Dominance and Epistatic Effects in Animals. 42nd Annual Meeting of EAAP, Berlin
- JAMES, J.W., 1973: Covariances Between Relatives due to Sex-Linked Genes. *Biometrics* 29: 584-588
- JOANDET, G.E., 1976: Crossbreeding Research in South America. in: Mason, I.L. and Pabst, W. (Eds): Crossbreeding Experiments and Strategy of Beef Utilization to Increase Beef Production, A Seminar on Research on Beef Production, Verden, Germany, February 9-11, 1976: 155-167
- KACSER, H. & BURNS, J.A., 1981: The Molecular Basis of Dominance. *Genetics* 97: 639-666
- KEMPTHORNE, O., 1954: The Correlation Between Relatives in a Random Mating Population. *Proc. roy. Soc., B*, 143: 103-113
- KEMPTHORNE, O., 1957: An Introduction to Genetical Statistics. John Wiley and Sons, New York
- KIEFER, J., 1959: Optimum Experimental Designs. *J. R. Statist. Soc. B* 21: 272-304
- KING, J.A., 1956: Social Relations of the Domestic Guinea Pig Living under Semi-Natural Conditions. *Ecology* 37: 221-228
- KINGHORN, B., 1980a: The Expression of "Recombination Loss" in Quantitative Traits. *J. Anim. Breed. Genet.* 97: 138-143

- KINGHORN, B., 1980b: A Model for the Optimisation of Genetic Improvement of Novel Breeds into a Native Population. *Z. Tierzüchtg. Züchtungsbiol.* 97: 95-100
- KINGHORN, B., 1981: Non-Additive Components of Merit in Mice. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- KINGHORN, B., 1982a: Genetic Effects in Crossbreeding. I. Models of Merit. *J. Anim. Breed. Genet.* 99: 59-68
- KINGHORN, B., 1982b: Genetic Effects in Crossbreeding. II. Multibreed Selection indices. *J. Anim. Breed. Genet.* 99: 315-320
- KINGHORN, B., 1983a: Genetic Effects in Crossbreeding. III. Epistatic loss in Crossbred Mice. *J. Anim. Breed. Genet.* 100: 209-222
- KINGHORN, B., 1983b: Genetic Effects in Crossbreeding. *J. Anim. Breed. Genet.* 100: 223-237
- KINGHORN, B., 1984: A Single Approach to Genetic Improvement which Exploits Both Selection and Crossbreeding Effects. *Proc. 2nd World Congress on Sheep and Beef Cattle Breeding*, 16-19 April 1984, Pretoria, South Africa: 473-482
- KINGHORN, B., 1986: Mating Plans for Selection Across Breeds. 3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Lincoln, Nebraska XII: 233-244
- KINGHORN, B., 1987a: The Nature of 2-Locus Epistatic Interactions in Animals: Evidence from Sewall Wright's Guinea Pig Data. *Theor. Appl. Genet.* 73: 595-604
- KINGHORN, B., 1987b: Crossbreeding in Domestic Animals. *Proc. 6th Conference of Australian Association of Animal Breeding and Genetics*, Melbourne: 112-123
- KINGHORN, B., 1997: Mate Selection by Groups. Vortrag ADSA Meeting, Ontario, June 23-25, 1997
- KINGHORN, B. & SHEPHERD, R.K., 1994: A Tactical Approach to Breeding for Information-rich Designs. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Guelph, Ontario, Canada Vol.18: 255-261
- KINGHORN, B. & SKJERVOLD, H., 1981: The Use of Non-Additive Components in Selection Policy. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- KINGHORN, B. & SWAN, A.A., 1991: A Multitrait Approach for Data Involving Genotype x Environment Interaction. *J. Anim. Breed. Genet.* 108: 111-115
- KLEIBER, M. & GÜTTE, J.O., 1967: *Der Energiehaushalt von Mensch und Haustier "The Fire of Life"*. Verlag Paul Parey Hamburg und Berlin
- KOCH, R.M., DICKERSON, G.E., CUNDIFF, L.V., GREGORY, K.E., 1985: Heterosis Retained in Advanced Generations of Crosses among Angus and Hereford Cattle. *J. Anim. Sci.* 60, 5: 1117-1132
- KOMENDER, P., 1987: Auswertung von diallelen Kreuzungsversuchen zur Schätzung von Kreuzungsparametern ergänzt durch ein Beispiel aus der Schweinezucht. Dissertation, Hohenheim
- KOMENDER, P., HOESCHELE, I., 1989: Use of Mixed-Model Methodology to Improve Estimation of Crossbreeding Parameters. *Livestock Production Science* 21:101-113

- KRÜGER, W. & WUSSOW, J., 1988: Komponenten des Maternaleffektes und ihre genetischen Grundlagen. Tierzuchtsymposium Leipzig
- KUNKEL, P & KUNKEL, I., 1964: Beiträge zur Ethologie des Hausmeerschweinchens *Cavia aperea* f. *porcellus* (L.). Z. Tierpsychol. 21 (1): 602-641
- KÜTTER, K., NITTER, G., SIMIANER, H., BARTENSCHLAGER, H., 1991: Ein Experiment zur Interpretation der Heterosis in sekundären Kreuzungsgenerationen. 42. EVT-Jahrestagung, Berlin
- LANGHOLZ, H.-J., 1994: Bedeutung und Strategien der Tierproduktion. in H. Kräusslich (Herausgeber): Tierzüchtungslehre, Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, ISBN: 3-8001-4371-2
- LEBAS, F., 1992: Contrôle de l'alimentation dans les expérimentations de comparaisons de races et de croisements cunicoles. Options Méditerranéennes - Série Séminaires - no.17: 85-94
- LECHNER, G., 1986: Reinzucht und Kreuzungszucht in der Population des Deutschen Gelbviehs von 1980 - 1984. Schätzung von Kreuzungsparametern nach verschiedenen genetischen Modellen. Dissertation, Ludwig-Maximilian-Universität München
- LEGATES, J.E., 1988: Developments in Theory and Application of Animal Breeding. Proc. of the world symposium in honour of professor R.D. Politiek, organized by the Agricultural University, Wageningen, Netherlands, 11-14 September 1988, Pudoc Wageningen: 15-26
- LERNER, M., 1954: Genetic Homeostasis. Oliver and Boyd Ltd., Edinburgh
- LI PUN, H. & SERE, C., 1993: Animal Production Systems Research in Developing Countries: Overview and Perspectives. Proc. VII World Conference on Animal Production, Edmonton, Alberta, Canada, June 28 - July 2, 1993, Vol.1: 329-348
- LIN, C.Y., 1996: Technical Note: Optimization of Breed Composition to Maximize Net Merit of Synthetic Populations. J.Anim.Sci. 74: 1477-1480
- LIZA CUMPA, Z., 1989: Niveles crecientes de afrecho de algarroba en el crecimiento - engorde de cuyes. Tesis, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Lambayeque, Peru
- LIZECA BALDIVIESO, S., 1990: Componentes de varianza genética en cuyes nativos bolivianos. Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- LIZECA BALDIVIESO, S., 1997: Selektion auf Fruchtbarkeit und Körpergewicht aus einem Genpool des bolivianischen Meerschweinchens. Dissertation, Humboldt-Universität zu Berlin
- LOPEZ VITERI, E., 1993: Evaluación del incremento de peso del tipo criollo (macabeo) en comparación con el tipo peruano (lacio). Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- LOPEZ-FANJUL, C., 1974: Selection from Crossbred Populations. ABA 42 (9): 403-416
- LUDEÑA SALDAÑA, V.M., 1977: Correlación entre peso a la edad de beneficio y número de dedos con el tamaño del la camada en cuyes (*Cavia porcellus*). in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia* sp.) Vol.4, Número Especial, 1994
- MALIK, R.C. & KOHUN, P.J., 1987: Genetic Variation in Litter Size in the Guinea Pig and its Relationship with Pre and Postweaning Growth. Proc. 6th Conference, Australian Association of Animal Breeding and Genetics, University of Western Australia, Perth, 9-11 Feb.

- MANNSTAEDT, N., 1981: Variabilität biologischer Merkmale bei Meerschweinchen nach Ernährung mit unterschiedlichen Alleinfuttermitteln verschiedener Hersteller. Dissertation, Freie Universität Berlin
- MARQUARDT, D.W., 1970: Generalized Inverses, Ridge Regression, Biased Linear Estimation, and Nonlinear Estimation. *Technometrics* 12: 591-612
- MATHER, K. & JINKS, J.L., 1971: Introduction to Biometrical Genetics. Verlag Chapman and Hall, New York
- MATHER, K. & JINKS, J.L., 1982: Biometrical Genetics. Chapman and Hall Ltd, 3rd edition, ISBN 0 412 22890 4
- MATHERON, G., 1982: Genetics and Selection of Litter Size in Rabbits. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 6: 481-498
- MAYO, O. & BÜRGER, R., 1997: The Evolution of Dominance: A Theory Whose Time has Passed?. *Biol Rev.* 72: 97-110
- McLAREN, D.G., BUCHANAN, D.S., WILLIAMS, J.E., 1987a: Economic Evaluation of Alternative Crossbreeding Systems Involving Four Breeds of Swine. I. The Simulation Model. *J. Anim. Sci.* 65: 910-918
- McLAREN, D.G., BUCHANAN, D.S., WILLIAMS, J.E., 1987b: Economic Evaluation of Alternative Crossbreeding Systems Involving Four Breeds of Swine. II System Efficiency. *J. Anim. Sci.* 65: 919-928
- MERRELL, R.A., SHUMWAY, C.R., SANDERS, J.O., TANKSLEY, T.D.Jr., 1979: Economics of Swine Crossbreeding Systems. *Southern Journal of Agricultural Economics*
- MEUWISSEN, T.H.E., 1997: Maximizing the Response of Selection with a Predifined Rate of Inbreeding. *J. Anim. Sci.* 75: 934-940
- MEUWISSEN, T.H.E. & GODDARD, M.E., 1997: Selection on Farm Animals for Non-linear Traits and Profit. *Animal Science* 65: 1-8
- MEUWISSEN, T.H.E. & WOOLLIAMS, J.A., 1994a: Effective Sizes of Livestock Populations to Prevent a Decline in Fitness. *Theor. Appl. Genet.* 89: 1019-1026
- MEUWISSEN, T.H.E. & WOOLLIAMS, J.A., 1994b: Response Versus Risk in Breeding Schemes. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada Vol.18: 236-243*
- MEUWISSEN, T.H.E., GIBSON, J.P., QUINTON, M., 1995: Genetic Improvement of Production While Maintaining Fitness. *Theor. Appl. Genet.* 90: 627-635
- MEZA BARRIENTOS, 1988: Evaluación de cuatro raciones en el engorde de cuyes en la Selva Central. Tesis, Universidad Nacional del Centro de Perú, Huancayo, Peru
- MIKAMI, H., ONISHI, A., KOMATSU, M., 1989a: Maternal Inheritance of Mitochondrial Cytochrome c Oxidase Activity in Mice. *Journal of Heredity* 80: 132-136
- MIKAMI, H., ONISHI, O., KOMATSU, M., 1989b: Inheritance of Enzyme Activity in the Mitochondrial Respiratory Chain of the Mouse. *Japanese Journal of Zootechnical Science*, 60 (11): 1041-1049

- MIKAMI, H., ONISHI, A., KOMATSU, M., TAKEDA, K., INUMARU, S., 1991: Relationship between Mitochondrial DNA Variation and Heterosis in Cytochrome c Oxidase Activity in the Mouse. *Anim.Sci.Technol. (Jpn.)* 62 (9): 822-828
- MILLS, P.G. & REED, M., 1971: The Onset of First Oestrus in the Guinea-Pig and the Effects of Gonadotrophins and Oestradiol in the Immature Animal. *J.Endocrin.* 50: 329-337
- MIRANDA PEREIRA, R., 1993: Comparación de diferentes generaciones de cruzamientos entre cuyes bolivanos y peruanos respecto al rendimiento productivo y reproductivo. Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- MOAV, R., 1966a: Specialized Sire and Dam Lines I. Economic Evaluation of Crossbreds. *Anim. Prod.* 8: 193-202
- MOAV, R., 1966b: Specialized Sire and Dam Lines II. The Choice of the Most Profitable Parental Combination when Component Traits are Genetically Additive. *Anim. Prod.* 8: 203-211
- MOAV, R., 1966c: Specialized Sire and Dam Lines. III. Choice of the most Profitable Parental Combination when Component Traits are Genetically Non-Additive. *Animal Production* 8 (3): 365-374
- MOAV, R. & HILL, W.G., 1966: Specialized Sire and Dam Lines. *Anim. Prod.* 8: 375-390
- MOLERO RUIZ, C.A., 1974: Comportamiento de las vainas de algarrobo como suplemento del forraje en el crecimiento y engorde de cuyes (*cavia porcellus*). Tesis, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Lambayeque, Peru
- MONCAYO GALLIANI, R., 1992: Aspectos de manejo en la producción comercial de cuyes. 3° Curso Internacional de Producción de Cuyes, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Peru
- MONCAYO GALLIANI, R., 1993: La comercialización del cuy en el Ecuador. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- MONCAYO GALLIANI, R., 1997: Avances técnicos en la producción comercial de cuyes. Memorias, Seminario Taller sobre Nuevos Avances en la Cuyecultura Latinoamericana, 4-7 Junio, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- MONTERREY ORDOÑEZ, A.M., 1985: Comportamiento del contenido ruminal en la alimentación de cobayos en el Valle del Mantaro. Tesis, Universidad Nacional del Centro de Perú, Huancayo, Peru
- MONTGOMERY, D.C. & ASKIN, R.G., 1981: Problems of Nonnormality and Multicollinearity for Forecasting Methods Based on Least Squares. *AIIE Transactions* 13 (2): 102-115
- MONTGOMERY, D.C. & PECK, E.A., 1992: Introduction to Linear Regression Analysis. John Wiley & Sons, Inc., 2nd edition, ISBN 0-471-53387-4
- MORALES, E., 1995: The Guinea Pig. Healing, Food, and Ritual in the Andes. The University of Arizona Press, Tucson
- MUSCARI GRECO, J., 1993: Avance de investigación en el mejoramiento genético del cuy. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador

- NELSON, R.E. & ROBISON, O.W., 1976: Effects of Postnatal Maternal Environment on Reproduction of Gilts. *J. Anim. Sci.* 43 (1): 71-77
- NETER, J., WASSERMAN, W., WHITMORE, G.A., 1993: Applied Statistics. 4. Auflage, Allyn and Bacon, ISBN 0-205-13478-5
- NICHOLAS, F.W., 1991: Incorporation of New Reproductive Technology in Genetic Improvement Programmes. in: *Evolution and Animal Breeding*, C.A.B. International: 203-209
- NITTER, G., 1978: Breed Utilisation for Meat Production in Sheep. *ABA* 46, 3: 131-143
- NITTER, G., 1981: Problems of Interpreting Heterosis from Results of Wide Crosses. 32nd Annual Meeting of EAAP, 31.Aug.-3.Sept. 1991, Zagreb
- NITTER, G., 1985: Parameter in der Kreuzungszucht. in: *Methodische Ansätze in der Tierzüchtung* (Ed. S. Scholtyssek). *Hohenheimer Arbeiten* 131
- NITTER, G., 1991: The Utilization of Heterosis in Sheep. International Congress on Anim. Prod., 3<sup>rd</sup> to 6<sup>th</sup> April, Evora
- NOMURA, T. & YONEZAWA, K., 1996: A Comparison of Four Systems of Group Mating for Avoiding Inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* 28: 141-159
- OBENCHAIN, R.L., 1975: Ridge Analysis Following a Preliminary Test of the Shrunk Hypothesis. *Technometrics* 17: 431-441
- OBENCHAIN, R.L., 1978: Good and Optimal Ridge Estimators. *Ann. Statist.* 6: 1111-1121
- OJEDA B., J.F., ZARAMA M., M. del S., ESCOBAR G., J., 1987: Utilización de los registros de peso corporal con fines de selección en un zocriadero de curies criollos, *Cavia porcellus*. in: CIID, INIA, IICA: *Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (Cavia sp.)* Vol.4, Número Especial, 1994
- ONISHI, A. & MIKAMI, H., 1990: Paternal Heterosis for Reproductive Traits in Mice. *Japanese Journal of Zootechnical Science*, 61, 10: 897-901
- ORELLANA ZURITA, H., 1992: Determinación de la madurez sexual y regularización del ciclo estral en cobayos hembras bolivianas. Tesis, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- OROZCO, F., 1976: Heterosis and Genotype x Environment Interaction: Theoretical and Experimental Aspects. *Bulletin Technique du Département de Génétique Animal, INRA*, No. 24.43
- OROZCO, F., 1989: Heterosis as Overdominance in Animal Vigour. Heterosis According to Environment. *Genotype x Environment Interactions in Poultry Production*, May 9-11, 1989, Jouy-en-Josas, Frankreich
- OSORIO, M.M., 1994: Open Nucleus Crossbreeding Systems for Breeding Cattle in the Tropics. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Guelph, Ontario, Canada Vol.17: 495-498
- PAPADAKIS, J., 1980: El Clima. Editorial Albatros, Argentinien
- PEAKER M. & TAYLER, E., 1996: Sex Ratio and Litter Size in the Guinea Pig. *Journal of Reproduction and Fertility* 108: 63-67

- PEREZ JUZCAMAYTA, D.R., 1988: Evaluación de caracteres productivos y reproductivos en cuyes cruzados 5/8 colorado por 3/8 bayo. Tesis, Universidad Nacional del Centro del Perú, Huancayo, Peru
- PICOLOMINY ROJAS, S.M., 1995: Determinación de la edad óptima al empadre en cuyes hembras (*cavia aperea porcellus*) de la línea nativa boliviana. Diplomarbeit, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- PIRCHNER, F., 1989: Epistasie bei quantitativen Merkmalen. 7. Symp. Populationsgenet. Grundlagen und ihre Umsetzung in der praktischen Tierzucht, Dezember, Leipzig
- PIRCHNER, F., 1990: Die Bedeutung epistatischer Wirkungen auf die Milchleistung anhand von Nachkommenleistung ingezüchteter Stiere. Sitzung des DGfZ-Ausschusses für genetisch-statistische Methoden, 19.-21. März, Haus Düsse
- PREISINGER, R., 1996: Zuchtwertschätzung und Selektion in einem Zuchtprogramm für Legehennen auf der Basis von Reinzucht- und Kreuzungsleistung. Genetisch-Statistischer Ausschuß der DGfZ - 71. Sitzung, 19.-21. März 1996, Berlin
- PROAÑO, J., 1993: Efecto de la retama verde en sustitución de la alfalfa en la alimentación de cuyes mejorados. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- QUELLMALZ, J., SCHÜLER, L., 1991: Extrachromosomale Vererbung dargestellt am Beispiel der Labormaus. 9. Tierzuchtsymposium Leipzig
- QUIJANDRIA, B., 1988: Producción de cuyes. FAO, Rom
- QUIJANDRIA, B., CHAUCA, L., ROBISON, O.W., 1983: Selection in Guinea Pigs: I. Estimation of phenotypic and genetic Parameters for Litter Size and Body Weight. *J.Anim.Sci.* 56 (4): 814-819
- QUINTANA, F.G. & ROBINSON, O.W., 1984: Systems of Crossbreeding in Swine. II. Evaluation of Crossbreeding in Swine. *J. Anim. Breed. Genet.* 101: 1-16
- QUINTON, M. & McMILLAN, I., 1996: The Effect of Index Selection on Allele Frequencies and Future Genetic Gains when Traits are Correlated. *Theor.Appl.Genet.* 93: 1335-1342
- QUINTON, M. & SMITH, C., 1995: Comparison of Evaluation-Selection Systems for Maximizing Genetic Response at the Same Level of Inbreeding. *J.Anim.Sci.* 73: 2208-2212
- RAABER, S. & ESSL, A., 1996: Schätzung zytoplasmatischer Effekte für Milch-, Fleisch- und Reproduktionsmerkmale beim Rind aufgrund von Stationsdaten. *Züchtungskunde* 68 (3): 178-192
- RAFFEL, M., 1997: Allokation auf Wachstum und Reproduktion bei weiblichen Hausmeerschweinchen (*Cavia aperea f. porcellus*). Dissertation, Universität Bielefeld
- RAFFEL, M., TRILLMICH, F., HÖNER, A., 1996: Energy Allocation in Reproducing and Non-Reproducing Guinea Pig (*Cavia porcellus*) Females and Young under ad libitum Conditions. *J. Zool., Lond.* 239: 437-452
- REQUE NIQUEN, D., 1972: Estudio de dos ecotipos de cuyes (*Cavia porcellus*) de la zona norte. in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia sp.*) Vol.4, Número Especial, 1994

- REVELLE, T.J. & ROBISON, O.W., 1973: An Explanation for the Low Heritability of Litter Size in Swine. *J. Anim. Sci.* 37 (3): 668-675
- REYES JURADO, A. & CORAL BUSTOS, J.E., 1997: Evaluación de los rendimientos productivos y reproductivos en cuyes (*Cavia porcellus*) alimentados con forraje confrey (*Symphytum peregrinum*) y pasto aubade (*Lolium* sp.). Memorias, Seminario Taller sobre Nuevos Avances en la Cuyecultura Latinoamericana, 4-7 Junio, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivien
- RICO, E., 1993: Situación de la investigación con el programa de cuyes en Bolivia. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- RIGONI, M., CASTROVILLI, CREPALDI, P., CICOGNA, M., 1994: Nutritive Value of Six Tropical Fodders as Feeds for Guinea Pig, a Mini-livestock Raised for Meat Production. *Rivista di Agricltura Subtropicale e Tropicale* 88: 145-154
- ROBERTSON, A., 1971: Optimum Utilization of Genetic Material, with Special Reference to Cross-Breeding in Relation to Other Methods of Genetic Improvement. Xth International Congress of Animal Production, Paris-Versailles, 1971, Reports: 57-68
- ROBERTSON, A., 1976: Why do we crossbreed? in: Mason, I.L. and Pabst, W. (Eds): Crossbreeding Experiments and Strategy of Beef Utilization to Increase Beef Production, A Seminar on Research on Beef Production, Verden, Germany, February 9-11, 1976: 4-15
- ROBISON, O.W., 1981: The Influence of Maternal Effects on the Efficiency of Selction. *Livest.Prod.Sci.* 8: 121-137
- ROBISON, O.W., 1986: Genetic Control in Non-Ruminants: The Male Influence. 3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, XI: 180-187
- ROEHE, R. & KENNEDY, B.W., 1993a: The Influence of Maternal Effects on Accuracy of Evaluation of Litter Size in Swine. *J. Anim. Sci.* 71: 2353-2364
- ROEHE, R. & KENNEDY, B.W., 1993b: Effect of Selection for Maternal and Direct Genetic Effects on Genetic Improvement of Litter Size in Swine. *J. Anim. Sci.* 71: 2891-2904
- ROEHE, R. & KENNEDY, B.W., 1993c: Efficiency of an Approximate Animal Model for Maternal and Direct Genetic Effects of Litter Size in Swine. *J. Anim. Sci.* 71: 3251-3260
- ROOD, J.P., 1970: Ecology and Behavior of the Desert Cavy (*Microcavia australis*). *The American Midland Naturalist* 83 (2): 415-454
- ROOD, J.P., 1972: Ecological and Behavioural Comparisons of Three Genera of Argentine Cavies. in: J.M. Cullen & C.G. Beer (eds.): *Animal Behaviour Monographs* 5, Ballière Tindall, London
- RUIZ, M.E., 1993: Animal Production Systems Experience in Latin America. Proc. VII World Conference on Animal Production, Edmonton, Alberta, Canada, June 28 - July 2, 1993, Vol.1: 387-411
- RUTHENBERG WILKENS, D., 1995: Zoonosen bei Meerschweinchen in der landwirtschaftlichen Produktion. Diplomarbeit, Humboldt-Universität zu Berlin
- SABA SABA, J.A., 1993: Interacción genotipo-ambiente en cuyes nativos bolivianos y mejorados peruanos (*Cavia aperea porcellus*) bajo condiciones de campo y estación. Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien



- SACHSER, N., 1994: Sozialphysiologische Untersuchungen an Hausmeerschweinchen. Gruppenstrukturen, soziale Situation und Wohlergehen. Schriftenreihe Versuchstierkunde, Heft 16, Verlag Paul Parey, ISBN 3-489-58316-7
- SACHSER, N. & LICK, C., 1990: Haltungsbedingungen und Wohlergehen bei Hausmeerschweinchen. Wiss. Zeitschrift der Humboldt-Universität zu Berlin, R. Math/Nat. Wiss. 39 (4): 346-351
- SANCHEZ MONTENEGRO, V., 1962: Bibliografía esotérica del cuy. Boletín Cultural y Bibliográfica V,7, Bogotá, Kolumbien
- SANTOS PORRAS, C., 1990: Evaluación de la calidad nutritiva de la cáscara de kiwicha, quinua, tarwi y grano de cebada y su utilización práctica en la alimentación de cuyes. Tesis, Universidad Nacional del Centro de Perú, Huancayo, Peru
- SARAVIA DAVALOS, J., 1993: Avances de la investigación en alimentación de cuyes. Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- SAVICKY, J., 1993: Untersuchungen zur Effizienz von Kreuzungsmethoden bei Nutztieren unter besonderer Berücksichtigung modifizierter Formen der Rotationskreuzung. Dissertation Hohenheim
- SAVICKY, J., 1994: CS - a PC-Program for the Design of Crossbred Production Systems. 2nd Prague Workshop on Crossbreeding in Farm Animals, 7<sup>th</sup> to 8<sup>th</sup> July 1994
- SAVICKY, J. & NITTER, G., 1990: Modifizierte Formen der Rotationskreuzung. Tierzuchtseminar PU Kaposvar
- SAVICKY, J. & NITTER, G., 1995: CS - a Computer Simulation Program for Evaluating the Efficiency of Crossbreeding Systems in Animal Production. 3rd Prague Workshop on Crossbreeding in Farm Animals, Oct. 5-8, 1995
- SCHACHTNER, A., 1991: Mutterlinien in der Deutschen Traberzucht auf die Rennleistung. Dissertation LMU München
- SCHMIDT, G., 1992: Meerschweinchen. Alles Wissenswerte über Haltung und Pflege. Landbuch Verlag GmbH, Hannover, ISBN: 3 7842 1309 X
- SCHMITTER, J., 1989: Optimierung der Käfige für Gruppenhaltung von Meerschweinchen. Dissertation Universität Tübingen
- SCHNELL, F.W., 1961: Heterosis und Inzuchtwirkung. Schriftenreihe des Max Planck-Instituts für Züchtungsforschung, Sonderband: 291-314
- SCHNELL, F.W., 1984: Modelling Basic Epistasis for Quantitative-Genetic Studies. Vortr. Pflanzenzüchtg. 7: 1-11
- SCHÖNMUTH, G., FLADE, D., SEELAND, G., 1986: Tierproduktion. Züchterische und ökologische Grundlagen. Verlag Harri Deutsch Thun, Frankfurt/Main
- SCHULTE-COERNE, H.-J., 1976: Untersuchungen über die Auswirkungen einer Einkreuzung von amerikanischen Brown Swiss Tieren in das Württembergische Braunvieh. Dissertation, Universität Hohenheim
- SEDCOLE, J.R., 1981: A Review of the Theories of Heterosis. Egypt. J. Genet. Cytol. 10: 117-146

- SELLIER, P., 1976: The Basis of Crossbreeding in Pigs; A Review. *Livestock Prod. Sci.* 3: 203-226
- SELLIER, P., 1982: Selecting Populations for Use in Crossbreeding. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid, 6: 15-49
- SERRANO, M. & OROZCO, F., 1992: A Comparison of Three Selection Systems for Crossbreeding. *J. Anim. Breed. Genet.* 109: 168-179
- SHERIDAN, A.K., 1980: A New Explanation for Egg Production Heterosis in Crosses Between WhiteLeghorns and Australorps. *Poultry Science* 21: 85-88
- SHERIDAN, A.K., 1981: Crossbreeding and Heterosis. *ABA* 49: 131-144
- SHERIDAN, A.K., 1982: Nature and Utilisation of Heterosis, Introduction. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid
- SHULL, G.H., 1948: What is "Heterosis"? *Genetics* 33: 437-446
- SHULL, G.H., 1952: Beginnings of the Heterosis Concept. in: J.W. Gowen (ed): *Heterosis. A record of researches directed toward explaining and utilizing the vigor of hybrids*, Iowa State College Press: 14-48
- SIEGEL, P.B., 1988: Future Breeding Programs in Poultry. *Proc. of the World Symposium in Honour of Professor R.D. Politiek*, organized by the Agricultural University, Wageningen, Netherlands, 11-14 September 1988, *Pudoc Wageningen*: 107-115
- SIMON, D., 1994: *Zuchtmethoden*. in H. Kräusslich (Herausgeber): *Tierzüchtungslehre*, Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, ISBN: 3-8001-4371-2
- SISK, D.B., 1976: Physiology. in: J.E. Wagner and P.J. Manning: *The Biology of the Guinea Pig*, Academic Press, INC, ISBN 0-12-730050-3
- SKJERVOLD, H., 1982: Die Bildung einer synthetischen Rasse. *Arch. Tierzucht* 25: 1-12
- SMITH, C., 1964: The Use of Specialised Sire and Dam Lines in Selection for Meat Production. *Animal Production* 6: 337-344
- SNEE, R.D., 1983: Discussion. *Technometrics* 25, 3: 230-237
- SOCUALAYA LEIVA, A., 1974: Edad óptima al empadre en cobayos. Tesis, Universidad Nacional del Centro del Perú, Huancayo, Peru
- SOLANO FONSECA, O.R., 1993: Determinación de la interacción genotipo ambiente en cuyes bolivianos y peruanos para condiciones de Altiplano y Valle (*Cavia aperea porcellus*). Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- SÖLKNER, J., 1991: The Impact of Different Genetic Models on the Optimum Design of Crossbreeding Experiments. *Anim. Prod.* 52: 255-262
- SÖLKNER, J., 1993a: Choice of Optimality Criteria for the Design of Crossbreeding Experiments. *J. Anim. Sci.* 71: 2867-2873
- SÖLKNER, J., 1993b: Persönliche Mitteilung.

- SÖLKNER, J., 1995: About ODCE. 3rd Prague Workshop on Crossbreeding in Farm Animals, Oct. 5-8
- SÖLKNER, J. & JAMES, J.W., 1990a: Optimum Design of Crossbreeding Experiments. I. A Basic Sequential Procedure. *J. Anim. Breed. Genet.* 107, 61-67
- SÖLKNER, J. & JAMES, J.W., 1990b: Optimum Design of Crossbreeding Experiments. II. Optimum Relationship Structures of Animals Within and Between Genetic Groups. *J. Anim. Breed. Genet.* 107, 411-420
- SÖLKNER, J. & JAMES, J.W., 1990c: Optimum Design of Crossbreeding Experiments. III. Efficiency of Designs Without all Purebreds. *J. Anim. Breed. Genet.* 107, 421-430
- SPIELKE, J. & GROENEVELD, E., 1995: Estimation of Crossbreeding Parameters in Mixed Linear Models. *Arch. Tierzucht, Dummerstorf* 38 (4): 445-455
- SPRAGUE, G.F., 1983: Heterosis in Maize: Theory and Practice. in: R. Frankel: Heterosis. Reappraisal of Theory and Practice, Springer-Verlag, ISBN: 3-540-12125-0 bzw. 0-387-12125-0
- SRIVASTAVA, H.K., 1983: Heterosis and Intergenomic Complementation: Mitochondria, Chloroplast, and Nucleus. in: R. Frankel: Heterosis. Reappraisal of Theory and Practice, Springer-Verlag, ISBN: 3-540-12125-0 bzw. 0-387-12125-0
- STAHNKE, A., 1987: Verhaltensunterschiede zwischen Wild- und Hausmeerschweinchen. *Z. Säugetierkunde* 52: 294-307
- SUNDSTROM, B., BARLOW, R., ARTHUR, P.F., 1994: Application of Crossbreeding to Beef Production: Opportunities, Obstacles and Challenges. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada Vol.17*: 280-287
- SWAN, A.A. & KINGHORN, B.P., 1992: Symposium Dairy Crossbreeding: Evaluation and Exploitation of Crossbreeding in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 75: 624-639
- TAYLOR, St.C.S., 1976a: Multibreed Designs. 1. Variation between Breeds. *Anim. Prod.* 23: 133-144
- TAYLOR, St.C.S., 1976b: Multibreed Designs. 2. Genetic Variation Within and Between Breeds. *Anim. Prod.* 23: 145-154
- TICONA, F., 1994: Prevalencia y efecto de la dermatitis en el rendimiento de cuyes de la línea nativa boliviana y mejorada peruana. Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien
- TORO, M. & PEREZ-ENCISO, M., 1990: Optimization of Selection Response under Restricted Inbreeding. *Genet. Sel. Evol* 22: 93-107
- TRENNER, D., 1986: Verallgemeinerte Ridge Regression. Eine Untersuchung von theoretischen Eigenschaften und der Operationalität verzerrter Schätzer im linearen Modell. Verlag Anton Hain, Frankfurt/M. ISBN:3-445-02406-5
- TRENNER, D. & TRENNER, G., 1995: An Objective Stability Criterion for Selecting the Biasing Parameter from the Ridge Trace. *The Journal of the Industrial Mathematics Society*, 45 (2): 93-104
- TRUJILLO BELTRAN, J., 1992: Comparación de consumo de alimento y conversión alimenticia entre cuyes Bolivianos y Peruanos. Diplomarbeit, UMSS Cochabamba, Bolivien

- VACCARO CH., R., DILLARD, E.U., LOZANO MATIENZO, J., 1968: Crecimiento del cuy (*Cavia porcellus*) del nacimiento al destete. in: CIID, INIA, IICA: Sistemas de Producción animal. Bibliografía sobre Cuyes (*Cavia* sp.) Vol.4, Número Especial, 1994
- VALLE ZARATE, A., 1995: Züchtungsstrategien für marginale Standortbedingungen der Tropen und Subtropen. Arch. Tierz., Dummerstorf 38 (5): 461-478
- VALLE ZARATE, A., 1996: Evaluierung der lokalen genetischen Ressourcen von Meerschweinchen zur landwirtschaftlichen Nutzung in der Andenregion Boliviens. Habilitationsschrift, Humboldt-Universität zu Berlin, Hausdruckerei der HUB, ISBN: 3-929603-50-2
- VALLE ZARATE, A., HÖLTING, G., LIZECA B., S., CAHILL M., J., HORST, P., 1991: Breeding of Guinea Pigs for Meat Production in Bolivia. 42nd Annual Meeting of the EAAP, Berlin
- VALLE ZARATE, A., CAHILL MANGUDO, J., HÖLTING, G., LIZECA, S., HORST, P., 1994: Projekt Mejocuy Projektabschlußbericht 1987-1990. DFG-Abschlußbericht
- VAN DER VEEN, J.H., 1959: Tests of Non-Allelic Interaction and Linkage for Quantitative Characters in Generations Derives from Two Diploid Pure Lines. Genetica 30: 201-232
- VENGE, O., 1950: Studies of the Maternal Influence on the Birth Weight in Rabbits. Acta Zool. 31: 1-148
- VERRIER, E., COLLEAU, J.J., FOULLEY, J.L., 1993: Long Term Effects of Selection Based on Animal Model BLUP in a Finite Population. Theoretical and Applied Genetics 87: 446-454
- VILKKI, J., 1990: Mitochondria Inheritance in Man: Genetics of Leber Hereditary Optic Neuroretinopathy. Dissertation, University of Turku, Finland
- VILLANUEVA, B., WOOLLIAMS, J.A., SIMM, G., 1994: Strategies for Controlling Rates of Inbreeding in MOET Nucleus Schemes for Beef Cattle. Genet.Sel.Evol. 26: 517-535
- VITERI, L., 1993: Estimación de la repetibilidad y heredabilidad de algunas características en cuyes (*cavia procellus*). Memorias, IV Congreso Latinoamericano de Cuyecultura, 8-12 Noviembre 1993, Riobamba, Ecuador
- VRILLON, J.L., DONAL, R., POUJARDIEU, B., ROUVIER, R., 1979: Sélection et testage des lapins mâles de croisement terminal 1972-75. Bullt. Techn. Inf. du Département. Génét. Anim. 28
- WAGNER, J.E., 1976: Introduction and Taxonomy. in: J.E. Wagner and P.J. Manning: The Biology of the Guinea Pig, Academic Press, INC, ISBN 0-12-730050-3
- WEBB, A.J., 1976: Development of a Synthetic Pig Sire Line by Selection with Immigration. Anim. Prod. 22: 245-254
- WEBB, A.J. & KING, J.W.B., 1976: Development of a Synthetic Pig Sire Line by Selection with Immigration. 1. Results of Selection with Immigration. Animal Production 22: 231-244
- WEI, M. & VAN DER STEEN, H.A.M., 1991: Comparison of Reciprocal Recurrent Selection with Pure-Line Selection Systems in Animal Breeding (A Review). ABA 59 (4): 281-298
- WEI, M. & VAN DER WERF, J.H.J., 1994: Maximizing Genetic Response in Crossbreds Using Both Purebred and Crossbred Information. Anim. Prod. 59: 401-413

- WEI, M., VAN DER STEEN, H.A.M., VAN DER WERF J.H.J., BRASCAMP, E.W., 1991: Relationship between Purebred and Crossbred Parameters. I Variances and Covariances under the One-Locus Model. *J. Anim. Breed. Genet.* 108: 253-261
- WEI, M., VAN DER WERF, J.H.J., BRASCAMP, E.W., 1991: Relationship between Purebred and Crossbred Parameters. II Genetic correlation between Purebred and Crossbred Performance under the Model with two Loci. *J. Anim. Breed. Genet.* 108, 2: 262-269
- WEIR, B.J., 1971: The Evocation of Oestrus in the Cuis, *Galea Musteloides*. *J. Reprod. Fert.* 26: 405-408
- WEIR, B.J., 1974: Notes on the Origin of the Domestic Guinea-Pig. *Symp. Zool. Soc. Lond.* No.34: 437-446
- WERNER, J & WERNER, B., 1984: Ridge-Regression: kein Routine-Verfahren. *Psychologische Beiträge*, 26: 283-297
- WILLHAM, R.L., 1972: The Role of Maternal Effects in Animal Breeding: III. Biometrical Aspects of Maternal Effects in Animals. *J. Anim. Sci.* 35, 6: 1288-1293
- WILLIAMS, W., 1959: Heterosis and the Genetics of Complex Characters. *Nature* 184: 527-530
- WILSON, E.R. & JOHNSON, R.K., 1981: Comparison of Mating Systems with Duroc, Hampshire and Yorkshire Breeds of Swine for Efficiency of Swine Production. *J. Anim. Sci.* 52 (1): 26-36
- WOLF, J., 1993: Schätzung von epistatischen Effekten bei mehr als zwei Ausgangspopulationen. Vortragstagung der DGfZ und GfT, Göttingen
- WOLF, J., 1995: CBE - A General PC Program for Estimating Crossbreeding Parameters. 3rd Prague Workshop on Crossbreeding in Farm Animals
- WOLF, J. & HERRENDÖRFER, G., 1993: Betrachtungen zur Definition von Kreuzungsparametern. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 36: 663-677
- WOLF, J. & JAKUBEC, V., 1991: Allgemeines Modell für Kreuzungseffekte. 9. Tierzuchtsymposium Leipzig
- WOLF, J., DISTL, O., HYANEK, J., GROSSHANS, T., SEELAND, G., 1995: Crossbreeding in Farm Animals. Analysis of Crossbreeding Plans with Secondary Crossbred Generations. *J. Anim. Breed. Genet.* 112: 81-94
- WOOLLIAMS, J.A., 1989: Modifications to MOET Nucleus Breeding Schemes to Improve Rates of Genetic Progress and Decrease Rates of Inbreeding in Dairy Cattle. *Anim. Prod.* 49: 1-14
- WOOLLIAMS, J.A. & THOMPSON, R., 1994: A Theory of Genetic Contributions. *Proc. 5th World Congress on genetics applied to livestock production*, Guelph
- WRAY, N.R. & GODDARD, M.E., 1994: Increasing Long-Term Response to Selection. *Genet. Sel. Evol.* 26: 431-451
- WRIGHT, S., 1922a. The Effects of Inbreeding and Crossbreeding on Guinea Pigs. I. Decline in Vigor. II. Differentiation Among Inbred Families. *United States Department of Agriculture, Bulletin No. 1090*, Washington D.C.

- WRIGHT, S., 1922b: The Effects of Inbreeding and Crossbreeding on Guinea Pigs. III. Crosses Between Highly Inbred Families. United States Department of Agriculture, Bulletin No. 1121, Washington, D.C.
- WRIGHT, S., 1960: The Genetics of Vital Characters of the Guinea Pig. *Journal of Cellular and Comparative Physiology* 56, 123-151
- WRIGHT, S., 1977: *Evolution and the Genetics of Populations. Vol.3: Experimental Results and Evolutionary Deductions.* The University of Chicago Press, ISBN: 0-226-91051-2
- WU, M.C., 1994: Ear Characteristics of Pigs Affected by Mitochondrial DNA Polymorphism in Maternal Mode. *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada Vol.21: 298-301*
- ZALDIVAR ABANTO, M.N., 1986: Estudio de la edad de empadre de cuyes hembras (*Cavia Porcellus*) y su efecto sobre el tamaño de camada. Tesis, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Peru
- ZIMMERMANN, W., 1973: Pränatale Mortalität und Wurfgrößen beim Meerschweinchen. *Z. Versuchstierk.* 15: 204-210

## ANHANG

**Tab. A1 Datenstruktur von Gewichts- und Wachstumsmerkmalen: Anzahl Tiere pro Zuchtgruppe und Jahr-Saison-Klasse. Beispiel: Geburtsgewicht. Table A1: Data structure of body weight and growth traits: Number of animals per breeding group and year season class. Example: Birthweight**

Zuchtgruppe	Wurf-nr.		Jahr-Saison-Klassen								
		90/ 5-6	90/ 7	90/ 8-12	92/ 5	92/ 6-8	92/ 9-12	93/ 2-3	93/ 4-5	93/ 6-8	Sum-me
<i>Reinzuchten</i>											
<b>BB</b>	1	39	-	16	-	203	2	303	85	-	648
	2	9	32	51	-	210	231	-	-	296	633
<b>PP</b>	1	33	-	27	-	210	12	-	375	-	657
	2	4	9	46	-	-	222	-	-	255	536
<i>Reziproke F1s</i>											
<b>BP</b>	1	16	-	16	-	67	64	-	-	-	163
	2	-	10	29	-	-	131	-	-	-	170
<b>PB</b>	1	24	-	11	-	33	71	-	-	-	139
	2	6	11	23	-	-	135	-	-	-	175
<i>Synthetics</i>											
<b>F2</b>	1	131	-	70	-	-	-	-	-	-	201
	2	16	85	165	-	-	-	-	-	-	266
<b>SYN</b>	1	-	-	-	138	41	108	284	4	-	575
	2	-	-	-	-	117	163	-	197	19	496
<i>Reziproke Rückkreuzungen</i>											
<b>RKB</b>	1	58	-	46	-	-	-	-	-	-	104
	2	5	55	90	-	-	-	-	-	-	150
<b>RKB'</b>	1	58	-	31	-	-	-	-	-	-	89
	2	10	71	51	-	-	-	-	-	-	132
<b>RKP</b>	1	59	-	41	-	-	-	-	-	-	100
	2	10	46	84	-	-	-	-	-	-	140
<b>RKP'</b>	1	72	-	47	-	-	-	-	-	-	119
	2	5	43	100	-	-	-	-	-	-	148
<i>Rotationen</i>											
<b>Rot2B</b>	1	-	-	-	128	70	95	-	-	-	293
	2	-	-	-	-	118	148	-	-	-	266
<b>Rot2P</b>	1	-	-	-	143	31	125	-	-	-	299
	2	-	-	-	-	104	143	-	-	-	247
<b>Rot3B</b>	1	-	-	-	-	-	-	284	5	-	289
	2	-	-	-	-	-	-	-	187	24	211
<b>Rot3P</b>	1	-	-	-	-	-	-	260	9	-	269
	2	-	-	-	-	-	-	-	177	9	186
<b>Summe</b>	1	490	-	305	409	655	477	1131	478	-	3945
	2	65	362	639	-	353	1173	-	561	603	3756

**Tab. A2 Datenstruktur von Wurfgrößen-, Wurfgewichts- und Gesamtleistungsmerkmalen (1. Wurf): Anzahl Tiere pro Zuchtgruppe und Jahr-Saison-Klasse. Beispiel: Wurfgröße bei der Geburt. Table A2: Data structure for litter size, litter weight and productivity traits (1<sup>st</sup> litter): Number of animals per breeding group and year season class. Example: Litter size at birth**

Zuchtgruppe	Wurf-nr.	Jahr-Saison-Klassen									
		90/ 5-7	90/ 9-12	92/ 5-6	92/ 7	92/ 8-11	92/12 -93/2	93/ 3	93/ 4-5	93/ 6-8	Sum-me
<i>Reinzuchten</i>											
<b>BBxBB</b>	1	12	9	-	73	5	-	95	28	-	222
	2	12	13	-	-	76	-	-	-	114	215
<b>PPxPP</b>	1	11	12	-	87	9	-	-	123	-	242
	2	5	16	-	-	83	-	-	-	97	201
<b>Reziproke F1s</b>											
<b>BBxPP</b>	1	7	8	-	-	64	-	-	-	-	79
	2	3	10	-	-	41	7	-	-	-	61
<b>PPxBB</b>	1	10	5	-	-	47	1	-	-	-	63
	2	7	7	-	-	42	5	-	-	-	61
<i>Synthetics</i>											
<b>F1xF1</b>	1	48	37	-	-	-	-	-	-	-	85
	2	28	57	-	-	-	-	-	-	-	85
<b>SYNxSYN</b>	1	-	-	47	-	60	76	17	1	-	201
	2	-	-	-	29	63	6	-	84	8	190
<i>Reziproke Rückkreuzungen</i>											
<b>BBxF1</b>	1	23	24	-	-	-	-	-	-	-	47
	2	17	30	-	-	-	-	-	-	-	47
<b>F1xBB</b>	1	23	18	-	-	-	-	-	-	-	41
	2	27	18	-	-	-	-	-	-	-	45
<b>PPxF1</b>	1	22	21	-	-	-	-	-	-	-	43
	2	17	29	-	-	-	-	-	-	-	46
<b>F1xPP</b>	1	26	22	-	-	-	-	-	-	-	48
	2	15	32	-	-	-	-	-	-	-	47
<i>Rotationen</i>											
<b>BBxRot1P</b>	1	-	-	50	-	57	-	-	-	-	107
	2	-	-	-	32	59	5	-	-	-	96
<b>PPxRot1B</b>	1	-	-	50	-	60	-	-	-	-	110
	2	-	-	-	33	59	7	-	-	-	99
<b>BBxRot2P</b>	1		-	-	-	-	75	16	2	-	93
	2		-	-	-	-	-	-	83	7	90
<b>PPxRot2B</b>	1		-	-	-	-	85	4	3	-	92
	2		-	-	-	-	-	-	82	6	88
<b>Summe</b>	1	182	156	147	160	302	237	132	157	-	1473
	2	131	212	-	94	423	30	-	249	232	1371



**Tab. A3: Datenstruktur Erstlingswurfintervall: Anzahl Tiere pro Zuchtgruppe und Jahr-Saison- Klasse. Table A3: Datastructure of the interval between mating and first litter: Number of animals per breeding group and year season class**

<b>Zuchtgruppe</b>	<b>Jahr-Saison-Klassen</b>					
	<b>90/3</b>	<b>90/6</b>	<b>92/3-4</b>	<b>92/6</b>	<b>92/12-93/2</b>	<b>Summe</b>
<i>Reinzuchten</i>						
<b>BBxBB</b>	12	6	74	-	119	214
<b>PPxPP</b>	11	9	91	-	122	233
<i>Reziproke F1s</i>						
<b>BBxPP</b>	6	6	-	58	-	70
<b>PPxBB</b>	10	4	-	45	-	59
<i>Synthetics</i>						
<b>F1xF1</b>	46	36	-	-	-	82
<b>SYNxSYN</b>	-	-	47	60	87	194
<i>Reziproke Rückkreuzungen</i>						
<b>BBxF1</b>	22	22	-	-	-	44
<b>F1xBB</b>	23	17	-	-	-	40
<b>PPxF1</b>	22	20	-	-	-	42
<b>F1xPP</b>	26	22	-	-	-	48
<i>Rotationen</i>						
<b>BBxRot1P</b>	-	-	48	55	-	103
<b>PPxRot1B</b>	-	-	50	60	-	110
<b>BBxRot2P</b>	-	-	-	-	90	90
<b>PPxRot2B</b>	-	-	-	-	92	92
<b>Summe</b>	178	145	310	278	510	1421

**Tab. A4 Datenstruktur Zwischenwurfzeit: Anzahl Tiere pro Zuchtgruppe und Jahr-Saison-Klasse. Table A4: Data structure for the interval between litters: Number of animals per breeding group and year season class**

Zuchtgruppe	Jahr-Saison-Klassen								
	90/3-5	90/6-8	90/9-11	92/5	92/6-8	92/9-10	93/2-3	93/4-5	Summe
Reinzuchten									
BBxBB	14	10	-	-	76	-	-	106	206
PPxPP	8	7	2	-	79	-	-	94	190
Reziproke F1s									
BBxPP	5	8	-	-	27	18	-	-	58
PPxBB	9	4	1	-	16	30	-	-	60
Synthetics									
F1xF1	40	35	5	-	-	-	-	-	80
SYNxSYN	-	-	-	43	16	38	88	4	189
Reziproke Rückkreuzungen									
BBxF1	21	22	3	-	-	-	-	-	46
F1xBB	27	16	1	-	-	-	-	-	44
PPxF1	20	21	1	-	-	-	-	-	42
F1xPP	24	17	2	-	-	-	-	-	43
Rotationen									
BBxRot1P	-	-	-	43	23	26	-	-	92
PPxRot1B	-	-	-	45	12	36	-	-	93
BBxRot2P	-	-	-	-	-	-	84	2	86
PPxRot2B	-	-	-	-	-	-	86	-	86
Summe	168	140	15	131	249	148	258	206	1315

**Tab. A5 Datenstruktur der Östrusuntersuchungen: Anzahl untersuchter Tiere pro Zuchtgruppe und Jahr-Saison-Klasse. Table A5: Data structure for oestrus expression: Number of animals per breeding group and year season class**

Zuchtgruppe	Wurf-nr.	Jahr-Saison-Klassen					
		92/ 8-9	92/ 11	93/ 2-3	93/ 4-5	93/ 6-7	Summe
<i>Reinzuchten</i>							
<b>BB</b>	1	5	-	-	30	-	35
	2	30	-	-	-	30	60
<b>PP</b>	1	-	-	-	30	1	31
	2	-	30	-	-	30	30
<i>Reziproke F1s</i>							
<b>BP</b>	1	30	-	-	-	-	30
	2	-	29	-	-	-	29
<b>PB</b>	1	30	-	-	-	-	30
	2	-	26	-	-	-	26
<i>Synthetics</i>							
<b>F2</b>	1	-	-	-	30	-	30
	2	-	-	-	-	26	26
<b>SYN</b>	1	30	-	31	20	-	81
	2	-	26	-	18	12	56
<i>Rotationen</i>							
<b>Rot2B</b>	1	31	-	-	-	-	31
	2	-	27	-	-	-	27
<b>Rot2P</b>	1	30	-	-	-	-	30
	2	-	29	-	-	-	29
<b>Rot3B</b>	1	-	-	28	9	-	37
	2	-	-	-	21	6	27
<b>Rot3P</b>	1	-	-	30	6	-	36
	2	-	-	-	25	7	32
<b>Summe</b>	1	156	-	89	125	1	371
	2	30	167	-	64	111	372

**Tab. A6: Datenstruktur von Schlachtleistungsmerkmalen: Anzahl Tiere pro Zuchtgruppe und Jahr-Saison-Klasse. Beispiel: Schlachtkörpergewicht kalt. Table A6: Data structure of carcass traits: Number of animals per breeding group and year season class**

Zuchtgruppe	Wurf-nr.	Jahr-Saison-Klassen					
		92/ 6-8	92/ 9-11	93/ 2-3	93/ 4-5	93/ 6-8	Summe
<i>Reinzuchten</i>							
<b>BB</b>	1	-	-	18	-	-	18
	2	-	20	-	-	10	30
<b>PP</b>	1	-	-	-	15	-	15
	2	-	20	-	-	5	25
<i>Reziproke F1s</i>							
<b>BP</b>	1	13	3	-	-	-	17
	2	-	16	-	-	-	16
<b>PB</b>	1	9	5	-	-	-	14
	2	-	15	-	-	-	15
<i>Synthetics</i>							
<b>F2</b>	1	-	-	-	21	-	21
	2	-	-	-	-	23	23
<b>SYN</b>	1	8	19	17	16	-	60
	2	-	17	-	12	17	46
<i>Rotationen</i>							
<b>Rot2B</b>	1	8	6	-	-	-	14
	2	-	16	-	-	-	16
<b>Rot2P</b>	1	4	8	-	-	-	12
	2	1	16	-	-	-	17
<b>Rot3B</b>	1	-	-	16	6	2	24
	2	-	-	-	18	7	25
<b>Rot3P</b>	1	-	-	17	9	2	28
	2	-	-	-	11	8	19
<b>Summe</b>	1	42	41	68	67	4	222
	2	1	120	-	41	70	232

**Tab. A7: Eigenwert-Eigenvektor-Analyse für das Jakubec-Modell. Table A7: Eigenvalue – Eigenvector analysis for the Jakubec model**

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm, aam, adm, gmm, dmm

Balanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

2.897	0.000	0.000	1.254	0.000	-1.100	0.000	0.000	0.000	-0.364	-0.481	0.000
0.000	13.957	14.971	0.000	-28.893	0.000	-1.837	2.587	3.134	0.000	0.000	-0.918
0.000	14.971	157.866	0.000	-169.235	0.000	-113.416	523.201	-406.119	0.000	0.000	-19.837
1.254	0.000	0.000	2.713	0.000	-1.701	0.000	0.000	0.000	0.429	1.730	0.000
0.000	-28.893	-169.235	0.000	195.813	0.000	111.670	-510.442	390.906	0.000	0.000	19.883
-1.100	0.000	0.000	-1.701	0.000	86.787	0.000	0.000	0.000	45.237	-86.736	0.000
0.000	-1.837	-113.416	0.000	111.670	0.000	2259.877	-6946.470	4486.324	0.000	0.000	524.270
0.000	2.587	523.201	0.000	-510.442	0.000	-6946.470	21814.288	-14267.530	0.000	0.000	-1599.565
0.000	3.134	-406.119	0.000	390.906	0.000	4486.324	-14267.530	9402.288	0.000	0.000	1027.408
-0.364	0.000	0.000	0.429	0.000	45.237	0.000	0.000	0.000	25.377	-45.226	0.000
-0.481	0.000	0.000	1.730	0.000	-86.736	0.000	0.000	0.000	-45.226	88.867	0.000
0.000	-0.918	-19.837	0.000	19.883	0.000	524.270	-1599.565	1027.408	0.000	0.000	123.531

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

4.17176	0.000	0.529	0.000	0.009	0.000	-0.510	0.678	0.000	0.000	-0.003	0.000	0.000
2.89034	0.289	0.000	0.546	0.000	-0.002	0.000	0.000	0.733	-0.273	0.000	0.076	-0.000
2.02063	0.402	0.000	0.380	0.000	-0.109	0.000	0.000	-0.543	-0.103	0.000	0.613	-0.020
1.54264	0.000	-0.446	0.000	0.413	0.000	0.432	0.667	0.000	0.000	-0.011	0.000	0.000
0.70398	0.395	0.000	0.409	0.000	-0.080	0.000	0.000	-0.246	0.388	0.000	-0.678	0.020
0.33424	0.000	0.389	0.000	0.594	0.000	0.151	-0.195	0.000	0.000	0.660	0.000	0.000
0.22773	0.391	0.000	-0.362	0.000	-0.344	0.000	0.000	0.307	0.596	0.000	0.287	0.256
0.08733	0.422	0.000	-0.352	0.000	-0.087	0.000	0.000	0.041	-0.171	0.000	-0.092	-0.807
0.01358	0.422	0.000	-0.350	0.000	-0.069	0.000	0.000	-0.100	-0.589	0.000	-0.242	0.528
0.00504	0.000	0.285	0.000	-0.645	0.000	0.577	0.222	0.000	0.000	0.347	0.000	0.000
0.00269	0.000	0.538	0.000	0.246	0.000	0.444	-0.091	0.000	0.000	-0.667	0.000	0.000
0.00003	0.300	0.000	-0.113	0.000	0.922	0.000	0.000	0.027	0.183	0.000	0.094	0.059

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm, aam, adm, gmm, dmm

Unbalanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

4.789	0.158	0.572	-0.133	0.085	-2.582	-1.209	3.662	-2.389	-1.191	-1.478	-0.373
0.158	41.317	-0.714	50.744	-97.125	0.551	-0.725	-5.097	17.240	-0.294	-0.687	-1.389
0.572	-0.714	3.227	-0.129	1.013	-2.154	-8.360	28.649	-19.460	1.286	2.179	-2.030
-0.133	50.744	-0.129	517.531	-555.741	0.780	-357.134	1570.399	-1191.473	0.202	-0.416	-68.474
0.085	-97.125	1.013	-555.741	648.946	-1.641	340.996	-1493.008	1116.728	0.088	1.213	66.361
-2.582	0.551	-2.154	0.780	-1.641	88.893	6.881	-21.618	14.060	45.415	-87.325	1.960
-1.209	-0.725	-8.360	-357.134	340.996	6.881	2075.522	-7063.192	4733.804	-1.693	-7.197	511.939
3.662	-5.097	28.649	1570.399	-1493.008	-21.618	-7063.192	24504.118	-16611.920	7.027	23.218	-1721.396
-2.389	17.240	-19.460	-1191.473	1116.728	14.060	4733.804	-16611.920	11343.327	-5.228	-15.185	1143.223
-1.191	-0.294	1.286	0.202	0.088	45.415	-1.693	7.027	-5.228	26.098	-44.653	-0.227
-1.478	-0.687	2.179	-0.416	1.213	-87.325	-7.197	23.218	-15.185	-44.653	90.377	-1.951
-0.373	-1.389	-2.030	-68.474	66.361	1.960	511.939	-1721.396	1143.223	-0.227	-1.951	129.650

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

5.41168	0.043	0.552	0.097	0.055	0.010	0.228	-0.793	0.013	-0.002	-0.006	-0.000	-0.000
2.85739	0.345	0.000	0.022	-0.567	0.000	0.002	-0.006	0.553	-0.492	0.000	0.106	0.000
1.79079	-0.014	-0.335	0.563	0.019	-0.014	0.753	0.053	0.012	0.008	-0.012	-0.004	-0.000
1.02781	0.398	-0.011	0.010	-0.341	-0.092	0.011	-0.015	-0.509	0.236	-0.005	0.631	-0.054
0.48403	0.396	-0.009	0.011	-0.376	-0.066	-0.000	-0.013	-0.171	0.361	0.004	-0.732	0.051
0.19520	0.039	0.432	0.493	0.035	-0.000	-0.187	0.306	-0.008	-0.001	0.662	0.005	0.000
0.14307	0.373	-0.041	-0.027	0.366	-0.414	-0.021	0.010	0.516	0.453	0.000	0.169	0.230
0.07455	0.398	-0.043	-0.027	0.355	-0.108	-0.002	0.011	-0.052	-0.213	0.001	-0.106	-0.801
0.00944	0.397	-0.043	-0.026	0.350	-0.079	0.008	0.009	-0.343	-0.535	-0.000	-0.103	0.544
0.00499	0.003	0.263	-0.636	-0.024	-0.009	0.579	0.267	0.006	0.007	0.343	-0.000	-0.000
0.00100	0.040	0.566	0.151	0.023	-0.003	0.097	0.449	-0.000	0.003	-0.666	-0.004	-0.000
0.00003	0.326	-0.036	-0.015	0.181	0.893	0.008	0.018	0.137	0.188	0.001	0.068	0.056

## A9

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm, aam, adm, gmm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.897	0.000	0.000	1.254	0.000	-1.100	0.000	0.000	0.000	-0.364	-0.481
0.000	13.950	14.824	0.000	-28.745	0.000	2.059	-9.299	10.768	0.000	0.000
0.000	14.824	154.680	0.000	-166.042	0.000	-29.227	266.337	-241.134	0.000	0.000
1.254	0.000	0.000	2.713	0.000	-1.701	0.000	0.000	0.000	0.429	1.730
0.000	-28.745	-166.042	0.000	192.613	0.000	27.287	-252.987	225.541	0.000	0.000
-1.100	0.000	0.000	-1.701	0.000	86.787	0.000	0.000	0.000	45.237	-86.736
0.000	2.059	-29.227	0.000	27.287	0.000	34.849	-157.839	125.955	0.000	0.000
0.000	-9.299	266.337	0.000	-252.987	0.000	-157.839	1101.961	-963.902	0.000	0.000
0.000	10.768	-241.134	0.000	225.541	0.000	125.955	-963.902	857.309	0.000	0.000
-0.364	0.000	0.000	0.429	0.000	45.237	0.000	0.000	0.000	25.377	-45.226
-0.481	0.000	0.000	1.730	0.000	-86.736	0.000	0.000	0.000	-45.226	88.867

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

3.8605	0.000	0.529	0.000	0.009	-0.510	0.678	0.000	0.000	-0.003	0.000	0.000
2.8903	0.315	0.000	0.533	0.000	0.000	0.000	0.711	0.287	0.000	0.172	0.003
2.0007	0.432	0.000	0.355	0.000	0.000	0.000	-0.522	-0.190	0.000	0.584	-0.193
1.5426	0.000	-0.446	0.000	0.413	0.432	0.667	0.000	0.000	-0.011	0.000	0.000
0.3342	0.424	0.000	0.386	0.000	0.000	0.000	-0.234	-0.158	0.000	-0.746	0.187
0.2277	0.000	0.389	0.000	0.594	0.151	-0.195	0.000	0.000	0.660	0.000	0.000
0.0882	0.410	0.000	-0.398	0.000	0.000	0.000	0.384	-0.714	0.000	0.083	0.098
0.0455	0.429	0.000	-0.378	0.000	0.000	0.000	0.009	0.338	0.000	-0.207	-0.719
0.0050	0.428	0.000	-0.375	0.000	0.000	0.000	-0.142	0.482	0.000	0.151	0.633
0.0048	0.000	0.285	0.000	-0.645	0.577	0.222	0.000	0.000	0.347	0.000	0.000
0.0005	0.000	0.538	0.000	0.246	0.444	-0.091	0.000	0.000	-0.667	0.000	0.000

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm, aam, adm, gmm

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

4.788	0.154	0.566	-0.331	0.276	-2.577	0.266	-1.297	0.904	-1.191	-1.483
0.154	41.302	-0.735	50.011	-96.414	0.572	4.758	-23.535	29.485	-0.296	-0.708
0.566	-0.735	3.195	-1.201	2.052	-2.123	-0.345	1.700	-1.562	1.283	2.148
-0.331	50.011	-1.201	481.368	-520.693	1.815	-86.759	661.260	-587.691	0.082	-1.446
0.276	-96.414	2.052	-520.693	614.979	-2.644	78.961	-611.915	531.572	0.204	2.212
-2.577	0.572	-2.123	1.815	-2.644	88.863	-0.857	4.401	-3.220	45.418	-87.296
0.266	4.758	-0.345	-86.759	78.961	-0.857	54.075	-266.068	219.658	-0.795	0.505
-1.297	-23.535	1.700	661.260	-611.915	4.401	-266.068	1648.756	-1433.084	4.006	-2.682
0.904	29.485	-1.562	-587.691	531.572	-3.220	219.658	-1433.084	1262.673	-3.222	2.016
-1.191	-0.296	1.283	0.082	0.204	45.418	-0.795	4.006	-3.222	26.098	-44.657
-1.483	-0.708	2.148	-1.446	2.212	-87.296	0.505	-2.682	2.016	-44.657	90.347

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

4.8887	0.053	0.551	0.098	0.052	0.227	-0.793	0.030	-0.003	-0.006	0.000	0.000
2.8535	0.369	-0.010	0.018	-0.553	0.003	-0.000	0.440	0.558	0.004	0.229	-0.003
1.7905	-0.018	-0.335	0.562	0.019	0.753	0.052	0.009	-0.002	-0.012	-0.006	-0.000
1.0069	0.424	-0.023	0.006	-0.314	0.012	-0.017	-0.376	-0.497	-0.005	0.483	-0.314
0.1952	0.422	-0.021	0.008	-0.352	0.000	-0.013	-0.118	-0.233	-0.000	-0.732	0.307
0.1433	0.048	0.431	0.494	0.032	-0.187	0.306	-0.014	-0.002	0.662	0.001	-0.002
0.0869	0.396	-0.052	-0.030	0.422	-0.013	0.039	0.682	-0.419	-0.002	0.093	0.103
0.0279	0.414	-0.053	-0.029	0.383	-0.003	0.005	-0.133	0.335	0.001	-0.311	-0.672
0.0050	0.412	-0.053	-0.028	0.377	0.006	-0.002	-0.409	0.315	0.003	0.270	0.587
0.0019	0.006	0.264	-0.636	-0.022	0.580	0.267	-0.001	-0.002	0.343	-0.004	-0.001
0.0003	0.051	0.566	0.152	0.020	0.097	0.448	-0.013	0.008	-0.666	-0.002	0.001



**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm, aam, adm

Balanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

2.894	0.000	0.000	1.263	0.000	-1.570	0.000	0.000	0.000	-0.609
0.000	13.950	14.824	0.000	-28.745	0.000	2.059	-9.299	10.768	0.000
0.000	14.824	154.680	0.000	-166.042	0.000	-29.227	266.337	-241.134	0.000
1.263	0.000	0.000	2.679	0.000	-0.013	0.000	0.000	0.000	1.309
0.000	-28.745	-166.042	0.000	192.613	0.000	27.287	-252.987	225.541	0.000
-1.570	0.000	0.000	-0.013	0.000	2.131	0.000	0.000	0.000	1.096
0.000	2.059	-29.227	0.000	27.287	0.000	34.849	-157.839	125.955	0.000
0.000	-9.299	266.337	0.000	-252.987	0.000	-157.839	1101.961	-963.902	0.000
0.000	10.768	-241.134	0.000	225.541	0.000	125.955	-963.902	857.309	0.000
-0.609	0.000	0.000	1.309	0.000	1.096	0.000	0.000	0.000	2.361

Eigenwert  $\Lambda =$     Eigenvektor  $P=$ 

3.8605	0.000	0.589	0.000	0.302	0.163	0.732	0.000	0.000	0.000	0.000
2.1829	0.315	0.000	0.533	0.000	0.000	0.000	0.711	0.287	0.172	0.003
2.0007	0.432	0.000	0.355	0.000	0.000	0.000	-0.522	-0.190	0.584	-0.193
1.3636	0.000	-0.611	0.000	0.173	0.728	0.258	0.000	0.000	0.000	0.000
0.2444	0.424	0.000	0.386	0.000	0.000	0.000	-0.234	-0.158	-0.746	0.187
0.2091	0.000	0.239	0.000	0.765	0.217	-0.557	0.000	0.000	0.000	0.000
0.0882	0.410	0.000	-0.398	0.000	0.000	0.000	0.384	-0.714	0.083	0.098
0.0455	0.429	0.000	-0.378	0.000	0.000	0.000	0.009	0.338	-0.207	-0.719
0.0048	0.428	0.000	-0.375	0.000	0.000	0.000	-0.142	0.482	0.151	0.633
0.0005	0.000	0.471	0.000	-0.541	0.630	-0.296	0.000	0.000	0.000	0.000

Unbalanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

4.763	0.143	0.602	-0.354	0.312	-4.010	0.274	-1.341	0.937	-1.925
0.143	41.296	-0.719	49.999	-96.396	-0.111	4.762	-23.556	29.501	-0.646
0.602	-0.719	3.144	-1.166	2.000	-0.048	-0.357	1.764	-1.610	2.345
-0.354	49.999	-1.166	481.344	-520.658	0.418	-86.751	661.217	-587.658	-0.633
0.312	-96.396	2.000	-520.658	614.925	-0.507	78.949	-611.850	531.522	1.298
-4.010	-0.111	-0.048	0.418	-0.507	4.516	-0.369	1.809	-1.272	2.270
0.274	4.762	-0.357	-86.751	78.949	-0.369	54.072	-266.053	219.647	-0.545
-1.341	-23.556	1.764	661.217	-611.850	1.809	-266.053	1648.677	-1433.024	2.681
0.937	29.501	-1.610	-587.658	531.522	-1.272	219.647	-1433.024	1262.628	-2.226
-1.925	-0.646	2.345	-0.633	1.298	2.270	-0.545	2.681	-2.226	4.025

Eigenwert  $\Lambda =$     Eigenvektor  $P=$ 

4.8800	0.038	0.520	0.475	0.076	0.335	-0.615	0.079	-0.004	0.000	0.000
2.0677	0.369	0.002	0.033	-0.552	0.003	0.037	0.438	0.558	0.229	-0.003
1.6370	-0.011	-0.611	0.272	0.014	0.737	0.096	0.002	-0.002	-0.006	-0.000
1.0061	0.425	-0.005	0.012	-0.314	0.014	-0.044	-0.373	-0.497	0.483	-0.314
0.1937	0.423	-0.003	0.015	-0.351	0.002	-0.021	-0.116	-0.233	-0.732	0.307
0.0987	0.035	0.194	0.728	0.054	-0.189	0.622	-0.076	0.007	-0.000	-0.000
0.0868	0.397	-0.025	-0.054	0.420	-0.017	0.095	0.677	-0.419	0.093	0.103
0.0278	0.415	-0.025	-0.052	0.382	-0.004	-0.011	-0.132	0.335	-0.311	-0.672
0.0019	0.414	-0.025	-0.051	0.376	0.005	-0.039	-0.407	0.315	0.270	0.587
0.0003	0.000	0.563	-0.401	-0.023	0.555	0.460	-0.045	0.003	-0.006	-0.000

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm, aam

Balanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

2.737	0.000	0.000	1.601	0.000	-1.287	0.000	0.000	0.000
0.000	13.950	14.824	0.000	-28.745	0.000	2.059	-9.299	10.768
0.000	14.824	154.680	0.000	-166.042	0.000	-29.227	266.337	-241.134
1.601	0.000	0.000	1.954	0.000	-0.620	0.000	0.000	0.000
0.000	-28.745	-166.042	0.000	192.613	0.000	27.287	-252.987	225.541
-1.287	0.000	0.000	-0.620	0.000	1.622	0.000	0.000	0.000
0.000	2.059	-29.227	0.000	27.287	0.000	34.849	-157.839	125.955
0.000	-9.299	266.337	0.000	-252.987	0.000	-157.839	1101.961	-963.902
0.000	10.768	-241.134	0.000	225.541	0.000	125.955	-963.902	857.309

Eigenwert  $\Lambda =$       Eigenvektor  $P=$ 

3.8605	0.000	0.000	0.680	-0.027	0.733	0.000	0.000	0.000	0.000
2.0007	0.315	0.533	0.000	0.000	0.000	0.711	0.287	0.172	0.003
1.9130	0.432	0.355	0.000	0.000	0.000	-0.522	-0.190	0.584	-0.193
0.8717	0.000	0.000	-0.550	0.642	0.534	0.000	0.000	0.000	0.000
0.2154	0.424	0.386	0.000	0.000	0.000	-0.234	-0.158	-0.746	0.187
0.0882	0.000	0.000	0.485	0.766	-0.422	0.000	0.000	0.000	0.000
0.0455	0.410	-0.398	0.000	0.000	0.000	0.384	-0.714	0.083	0.098
0.0048	0.429	-0.378	0.000	0.000	0.000	0.009	0.338	-0.207	-0.719
0.0005	0.428	-0.375	0.000	0.000	0.000	-0.142	0.482	0.151	0.633

Unbalanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

3.843	-0.166	1.723	-0.657	0.933	-2.924	0.013	-0.059	-0.127
-0.166	41.193	-0.342	49.898	-96.188	0.253	4.675	-23.126	29.143
1.723	-0.342	1.778	-0.798	1.244	-1.370	-0.040	0.202	-0.314
-0.657	49.898	-0.798	481.245	-520.453	0.775	-86.836	661.639	-588.008
0.933	-96.188	1.244	-520.453	614.507	-1.239	79.124	-612.714	532.240
-2.924	0.253	-1.370	0.775	-1.239	3.235	-0.061	0.297	-0.017
0.013	4.675	-0.040	-86.836	79.124	-0.061	53.999	-265.690	219.346
-0.059	-23.126	0.202	661.639	-612.714	0.297	-265.690	1646.891	-1431.542
-0.127	29.143	-0.314	-588.008	532.240	-0.017	219.346	-1431.542	1261.397

Eigenwert  $\Lambda =$       Eigenvektor  $P=$ 

4.8800	0.038	0.713	-0.062	0.052	0.695	0.031	-0.002	-0.002	0.000
1.8118	0.369	0.020	0.215	-0.509	-0.001	0.440	0.558	0.229	-0.003
1.0564	-0.011	-0.311	0.812	0.331	0.366	0.017	-0.003	-0.003	0.000
0.9986	0.425	0.003	0.122	-0.290	0.024	-0.375	-0.497	0.483	-0.314
0.1364	0.423	0.006	0.135	-0.325	0.010	-0.118	-0.232	-0.732	0.307
0.0869	0.035	0.622	0.429	0.216	-0.617	-0.027	0.005	0.002	-0.000
0.0279	0.397	-0.052	-0.168	0.386	-0.044	0.682	-0.419	0.093	0.103
0.0019	0.415	-0.051	-0.153	0.351	-0.004	-0.133	0.335	-0.312	-0.672
0.0003	0.414	-0.051	-0.149	0.346	0.011	-0.409	0.315	0.270	0.587

# A13

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm, ddm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.737	0.000	0.000	1.601	0.000	-1.287	0.000	0.000
0.000	13.815	17.853	0.000	-31.578	0.000	0.477	2.808
0.000	17.853	86.857	0.000	-102.604	0.000	6.200	-4.778
1.601	0.000	0.000	1.954	0.000	-0.620	0.000	0.000
0.000	-31.578	-102.604	0.000	133.278	0.000	-5.850	0.597
-1.287	0.000	0.000	-0.620	0.000	1.622	0.000	0.000
0.000	0.477	6.200	0.000	-5.850	0.000	16.344	-16.223
0.000	2.808	-4.778	0.000	0.597	0.000	-16.223	18.212

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

3.283	0.000	0.680	0.000	-0.027	0.733	0.000	0.000	0.000
1.913	0.443	0.000	-0.439	0.000	0.000	0.749	0.150	0.169
1.597	0.526	0.000	-0.201	0.000	0.000	-0.547	-0.100	0.611
0.872	0.000	-0.550	0.000	0.642	0.534	0.000	0.000	0.000
0.215	0.524	0.000	-0.236	0.000	0.000	-0.254	-0.099	-0.772
0.086	0.000	0.485	0.000	0.766	-0.422	0.000	0.000	0.000
0.029	0.345	0.000	0.608	0.000	0.000	0.275	-0.659	0.042
0.005	0.366	0.000	0.585	0.000	0.000	-0.015	0.724	-0.018

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

3.843	-0.163	1.723	-0.716	0.986	-2.924	0.035	-0.203
-0.163	40.519	-0.335	63.483	-108.485	0.253	-0.393	9.949
1.723	-0.335	1.778	-0.944	1.376	-1.370	0.015	-0.154
-0.716	63.483	-0.944	207.141	-272.346	0.767	15.413	-5.683
0.986	-108.485	1.376	-272.346	389.931	-1.232	-13.427	-8.683
-2.924	0.253	-1.370	0.767	-1.232	3.235	-0.059	0.278
0.035	-0.393	0.015	15.413	-13.427	-0.059	15.856	-16.758
-0.203	9.949	-0.154	-5.683	-8.683	0.278	-16.758	22.255

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

4.087	0.049	0.714	-0.040	0.051	0.695	0.021	-0.003	-0.002
1.807	0.432	-0.008	0.039	-0.501	0.000	0.605	0.386	0.213
1.049	-0.015	-0.313	0.874	0.069	0.366	0.011	-0.003	-0.003
0.830	0.477	-0.021	0.017	-0.242	0.022	-0.512	-0.360	0.567
0.136	0.477	-0.019	0.018	-0.278	0.009	-0.186	-0.166	-0.795
0.067	0.048	0.621	0.478	0.052	-0.617	-0.017	0.006	0.002
0.022	0.411	-0.056	-0.052	0.578	-0.035	0.493	-0.495	0.032
0.002	0.429	-0.056	-0.047	0.518	-0.001	-0.306	0.670	0.009

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, aai, ddi, gm, dm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.737	0.000	0.000	1.601	0.000	-1.287	0.000
0.000	13.382	18.589	0.000	-31.670	0.000	2.978
0.000	18.589	85.603	0.000	-102.448	0.000	1.944
1.601	0.000	0.000	1.954	0.000	-0.620	0.000
0.000	-31.670	-102.448	0.000	133.258	0.000	-5.318
-1.287	0.000	0.000	-0.620	0.000	1.622	0.000
0.000	2.978	1.944	0.000	-5.318	0.000	1.892

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

2.970	0.000	0.680	0.000	-0.027	0.733	0.000	0.000
1.913	0.530	0.000	-0.352	0.000	0.000	0.752	0.173
0.939	0.572	0.000	-0.013	0.000	0.000	-0.549	0.609
0.872	0.000	-0.550	0.000	0.642	0.534	0.000	0.000
0.215	0.577	0.000	-0.057	0.000	0.000	-0.255	-0.774
0.086	0.000	0.485	0.000	0.766	-0.422	0.000	0.000
0.005	0.243	0.000	0.934	0.000	0.000	0.261	0.027

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

3.841	-0.073	1.721	-0.768	0.907	-2.922	-0.117
-0.073	36.072	-0.266	66.024	-104.604	0.129	7.098
1.721	-0.266	1.777	-0.983	1.316	-1.368	-0.101
-0.768	66.024	-0.983	205.690	-274.564	0.838	11.134
0.907	-104.604	1.316	-274.564	386.543	-1.123	-19.965
-2.922	0.129	-1.368	0.838	-1.123	3.232	0.151
-0.117	7.098	-0.101	11.134	-19.965	0.151	3.238

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

3.400	0.069	0.713	-0.035	0.040	0.695	0.017	-0.002
1.800	0.504	-0.042	0.006	-0.427	0.000	0.720	0.210
1.048	-0.021	-0.314	0.875	0.030	0.366	0.008	-0.003
0.555	0.533	-0.050	-0.003	-0.117	0.022	-0.612	0.570
0.136	0.536	-0.049	-0.003	-0.154	0.009	-0.239	-0.793
0.059	0.069	0.619	0.481	0.004	-0.617	-0.013	0.002
0.002	0.405	-0.060	-0.029	0.882	-0.036	0.225	0.039

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, aai, ddi, gm, dm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.737	0.000	1.601	0.000	-1.287	0.000
0.000	9.345	0.000	-9.423	0.000	2.556
1.601	0.000	1.954	0.000	-0.620	0.000
0.000	-9.423	0.000	10.651	0.000	-2.991

## A15

-1.287	0.000	-0.620	0.000	1.622	0.000
0.000	2.556	0.000	-2.991	0.000	1.848

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

2.012	0.000	0.680	0.000	-0.027	0.733	0.000
1.913	0.652	0.000	-0.363	0.000	0.000	0.666
0.939	0.000	-0.550	0.000	0.642	0.534	0.000
0.872	0.695	0.000	-0.067	0.000	0.000	-0.716
0.215	0.000	0.485	0.000	0.766	-0.422	0.000
0.049	0.305	0.000	0.929	0.000	0.000	0.209

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.174	0.185	0.184	-0.368	-1.596	-0.020
0.185	36.032	65.876	-104.406	-0.076	7.083
0.184	65.876	205.146	-273.836	0.081	11.078
-0.368	-104.406	-273.836	385.568	-0.110	-19.891
-1.596	-0.076	0.081	-0.110	2.179	0.073
-0.020	7.083	11.078	-19.891	0.073	3.233

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

3.399	0.065	0.704	0.060	-0.705	0.008	0.000
1.720	0.505	-0.039	-0.426	-0.020	0.719	0.210
0.556	0.533	-0.047	-0.116	-0.013	-0.612	0.570
0.265	0.537	-0.046	-0.153	-0.013	-0.239	-0.793
0.059	0.068	0.704	-0.024	0.707	-0.005	0.000
0.002	0.405	-0.061	0.882	0.054	0.225	0.039

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, ddi, gm, dm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

1.425	0.000	0.000	-0.779	0.000
0.000	9.345	-9.423	0.000	2.556
0.000	-9.423	10.651	0.000	-2.991
-0.779	0.000	0.000	1.425	0.000
0.000	2.556	-2.991	0.000	1.848

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

2.012	0.000	0.707	0.000	0.707	0.000
1.546	0.652	0.000	-0.363	0.000	0.666
0.939	0.695	0.000	-0.067	0.000	-0.716
0.454	0.000	0.707	0.000	-0.707	0.000
0.049	0.305	0.000	0.929	0.000	0.209

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.174	0.126	-0.122	-1.596	-0.030
0.126	14.878	-16.473	-0.102	3.526
-0.122	-16.473	20.043	-0.002	-5.104
-1.596	-0.102	-0.002	2.179	0.069
-0.030	3.526	-5.104	0.069	2.634

Eigenwert  $\Lambda =$

Eigenvektor  $P=$

2.451	0.125	0.696	0.063	-0.705	0.005
1.712	0.586	-0.094	-0.492	-0.029	0.636
0.545	0.620	-0.105	-0.209	-0.018	-0.749
0.265	0.127	0.695	-0.025	0.707	-0.002
0.028	0.491	-0.112	0.842	0.052	0.186

Parameter: gi, di, aai, gm, dm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1}$ =	Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor P=
2.737 0.000 1.601 -1.287 0.000	1.913	0.680 0.000 0.000 -0.027 0.733
0.000 1.008 0.000 0.000 -0.090	1.090	0.000 0.707 0.707 0.000 0.000
1.601 0.000 1.954 -0.620 0.000	0.910	-0.550 0.000 0.000 0.642 0.534
-1.287 0.000 -0.620 1.622 0.000	0.872	0.485 0.000 0.000 0.766 -0.422
0.000 -0.090 0.000 0.000 1.008	0.215	0.000 0.707 -0.707 0.000 0.000

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1}$ =	Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor P=
2.174 0.086 -0.077 -1.596 -0.039	2.433	0.126 0.695 0.064 -0.705 0.007
0.086 7.760 -8.275 -0.106 1.697	1.712	0.581 -0.094 -0.514 -0.029 0.623
-0.077 -8.275 10.664 0.003 -3.049	0.536	0.618 -0.107 -0.195 -0.019 -0.754
-1.596 -0.106 0.003 2.179 0.068	0.265	0.129 0.695 -0.026 0.707 -0.004
-0.039 1.697 -3.049 0.068 2.207	0.055	0.498 -0.114 0.832 0.054 0.208

**Tab. A7: Fortsetzung.** *Table A7: continued*

Parameter: gi, di, adi, gm, dm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1}$ =	Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor P=
1.425 0.000 0.000 -0.779 0.000	1.988	0.000 0.707 0.000 0.707 0.000
0.000 5.855 -5.759 0.000 1.714	1.546	0.640 0.000 -0.403 0.000 0.654
0.000 -5.759 6.842 0.000 -2.144	0.933	0.693 0.000 -0.063 0.000 -0.718
-0.779 0.000 0.000 1.425 0.000	0.454	0.000 0.707 0.000 -0.707 0.000
0.000 1.714 -2.144 0.000 1.680	0.078	0.331 0.000 0.913 0.000 0.239

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1}$ =	Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor P=
3.838 0.077 1.718 -2.919 -0.106	1.841	0.692 -0.186 -0.035 0.047 0.695
0.077 1.342 0.053 -0.144 -0.670	1.476	0.200 0.677 -0.003 -0.708 0.030
1.718 0.053 1.772 -1.364 -0.047	1.048	-0.298 0.107 0.875 0.030 0.366
-2.919 -0.144 -1.364 3.229 0.104	0.500	0.605 -0.145 0.482 0.003 -0.617
-0.106 -0.670 -0.047 0.104 1.336	0.136	0.164 0.689 -0.041 0.704 -0.029

**Tab. A8: Eigenwert-Eigenvektor-Analyse für das Dickerson-Modell. Table A8: Eigenvalue – Eigenvector analysis for the Dickerson model**

Parameter: gi, hi, ri, gm, hm, rm, gmm, hmm, hp

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

2.305	0.000	0.000	0.697	0.000	0.000	-2.292	0.000	0.000
0.000	1.074	0.623	0.000	-0.404	-0.147	0.000	-0.286	-0.405
0.000	0.623	2043.701	0.000	-1315.267	-1167.452	0.000	455.678	-1332.933
0.697	0.000	0.000	3.902	0.000	0.000	-3.844	0.000	0.000
0.000	-0.404	-1315.267	0.000	847.610	751.406	0.000	-293.709	857.863
0.000	-0.147	-1167.452	0.000	751.406	670.253	0.000	-263.281	760.929
-2.292	0.000	0.000	-3.844	0.000	0.000	5.969	0.000	0.000
0.000	-0.286	455.678	0.000	-293.709	-263.281	0.000	105.525	-296.456
0.000	-0.405	-1332.933	0.000	857.863	760.929	0.000	-296.456	870.529

Eigenwert  $\Lambda =$       Eigenvektor  $P=$

2.4716	0.000	0.537	0.000	0.000	0.000	0.790	0.000	0.296	0.000
2.4312	0.165	0.000	-0.249	0.940	-0.144	0.000	-0.083	0.000	-0.000
1.5942	0.466	0.000	0.533	0.031	-0.070	0.000	-0.207	0.000	-0.672
0.9230	0.000	0.574	0.000	0.000	0.000	-0.599	0.000	0.558	0.000
0.8490	0.433	0.000	0.112	-0.155	-0.762	0.000	0.094	0.000	0.432
0.4647	0.542	0.000	-0.141	-0.112	0.459	0.000	-0.561	0.000	0.384
0.1617	0.000	0.618	0.000	0.000	0.000	-0.130	0.000	-0.775	0.000
0.1040	0.524	0.000	-0.329	-0.075	0.268	0.000	0.720	0.000	-0.150
0.0002	-0.009	0.000	0.717	0.272	0.334	0.000	0.330	0.000	0.438

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$

3.323	0.076	1.173	0.439	-0.647	-0.714	-3.171	0.184	-0.562
0.076	1.564	3.701	-0.042	-2.208	-1.824	-0.108	-0.201	-1.984
1.173	3.701	2942.061	-1.494	-1450.314	-1744.499	0.715	550.473	-1343.421
0.439	-0.042	-1.494	5.791	0.756	0.896	-5.624	-0.295	0.650
-0.647	-2.208	-1450.314	0.756	716.661	860.342	-0.291	-272.454	661.838
-0.714	-1.824	-1744.499	0.896	860.342	1037.828	-0.405	-329.578	795.464
-3.171	-0.108	0.715	-5.624	-0.291	-0.405	8.758	0.176	-0.305
0.184	-0.201	550.473	-0.295	-272.454	-329.578	0.176	107.667	-249.967
-0.562	-1.984	-1343.421	0.650	661.838	795.464	-0.305	-249.967	614.911

Eigenwert  $\Lambda =$       Eigenvektor  $P=$

3.3382	0.111	0.545	-0.007	-0.038	-0.065	0.786	-0.004	0.260	-0.000
2.6312	0.355	-0.035	-0.204	0.662	0.603	0.051	-0.162	0.007	-0.000
1.2770	0.489	-0.096	0.348	-0.086	-0.146	-0.017	-0.242	-0.000	-0.737
0.7559	0.107	0.566	-0.009	-0.007	0.020	-0.593	0.008	0.562	0.000
0.5148	0.419	-0.087	-0.073	0.398	-0.720	-0.038	-0.037	-0.004	0.364
0.2732	0.443	-0.102	-0.102	-0.576	0.208	-0.006	-0.465	0.002	0.438
0.1371	0.111	0.587	-0.011	-0.012	0.000	-0.164	-0.007	-0.785	-0.000
0.0723	0.424	-0.095	-0.446	-0.247	0.060	0.000	0.727	-0.007	-0.138
0.0002	0.216	-0.023	0.789	0.032	0.214	0.015	0.412	-0.004	0.337

**Tab. A8: Fortsetzung.** *Table A8: continued*

Parameter: gi, hi, ri, gm, hm, rm, gmm, hmm, rmm

Balanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

2.305	0.000	0.000	0.697	0.000	0.000	-2.292	0.000	0.000
0.000	1.074	-0.000	0.000	0.000	0.285	0.000	-0.431	-0.072
0.000	-0.000	2.817	0.000	-1.826	-3.836	0.000	1.903	1.396
0.697	0.000	0.000	3.902	0.000	0.000	-3.844	0.000	0.000
0.000	0.000	-1.826	0.000	2.366	3.659	0.000	-1.779	-1.964
0.000	0.285	-3.836	0.000	3.659	37.490	0.000	-7.412	-30.107
-2.292	0.000	0.000	-3.844	0.000	0.000	5.969	0.000	0.000
0.000	-0.431	1.903	0.000	-1.779	-7.412	0.000	4.897	3.036
0.000	-0.072	1.396	0.000	-1.964	-30.107	0.000	3.036	28.006

Eigenwert  $\Lambda =$       Eigenvektor  $P=$ 

3.265	0.000	0.537	0.000	0.000	0.790	0.000	0.000	0.296	0.000
2.431	0.122	0.000	-0.344	0.904	0.000	0.217	0.048	0.000	-0.005
1.170	0.369	0.000	0.564	0.047	0.000	0.589	-0.439	0.000	0.067
0.968	0.000	0.574	0.000	0.000	-0.599	0.000	0.000	0.558	0.000
0.465	0.306	0.000	0.623	0.306	0.000	-0.541	0.355	0.000	-0.070
0.447	0.517	0.000	-0.225	-0.208	0.000	0.152	0.213	0.000	-0.755
0.134	0.000	0.618	0.000	0.000	-0.130	0.000	0.000	-0.775	0.000
0.104	0.472	0.000	-0.289	-0.016	0.000	-0.513	-0.643	0.000	0.130
0.015	0.514	0.000	-0.202	-0.208	0.000	0.166	0.470	0.000	0.635

Unbalanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

3.323	0.076	-0.072	0.439	-0.023	0.186	-3.171	-0.066	-0.153
0.076	1.564	-0.694	-0.042	-0.007	1.323	-0.108	-1.079	-0.516
-0.072	-0.694	7.632	-0.053	-5.026	-12.337	0.040	5.068	5.084
0.439	-0.042	-0.053	5.791	0.034	-0.132	-5.624	-0.008	0.166
-0.023	-0.007	-5.026	0.034	5.036	10.447	0.047	-4.188	-5.575
0.186	1.323	-12.337	-0.132	10.447	63.384	0.068	-12.976	-48.505
-3.171	-0.108	0.040	-5.624	0.047	0.068	8.758	0.043	-0.070
-0.066	-1.079	5.068	-0.008	-4.188	-12.976	0.043	6.891	6.008
-0.153	-0.516	5.084	0.166	-5.575	-48.505	-0.070	6.008	43.100

Eigenwert  $\Lambda =$       Eigenvektor  $P=$ 

3.977	0.056	0.554	-0.034	-0.041	-0.077	0.784	-0.211	0.153	0.002
2.646	0.301	0.015	0.627	0.547	0.455	0.067	0.035	0.058	0.015
0.942	0.426	-0.036	0.036	-0.543	0.412	0.009	-0.339	-0.466	-0.138
0.625	0.050	0.574	-0.016	0.011	0.035	-0.592	-0.451	0.336	-0.002
0.384	0.359	-0.029	0.522	-0.473	-0.444	-0.049	0.240	0.319	0.122
0.273	0.452	-0.055	-0.413	0.087	0.121	0.003	0.080	0.109	0.762
0.073	0.051	0.595	-0.020	0.002	0.006	-0.164	0.634	-0.463	0.000
0.071	0.426	-0.045	-0.051	0.412	-0.622	-0.040	-0.285	-0.391	-0.146
0.009	0.452	-0.055	-0.397	0.052	0.130	0.008	0.298	0.403	-0.603



**Tab. A8: Fortsetzung.** *Table A8: continued*

Parameter: gi, hi, ri, gm, hm, rm, gmm, hmm

Balanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

2.305	0.000	0.000	0.697	0.000	0.000	-2.292	0.000
0.000	1.073	0.004	0.000	-0.005	0.207	0.000	-0.424
0.000	0.004	2.747	0.000	-1.728	-2.335	0.000	1.751
0.697	0.000	0.000	3.902	0.000	0.000	-3.844	0.000
0.000	-0.005	-1.728	0.000	2.228	1.547	0.000	-1.566
0.000	0.207	-2.335	0.000	1.547	5.124	0.000	-4.148
-2.292	0.000	0.000	-3.844	0.000	0.000	5.969	0.000
0.000	-0.424	1.751	0.000	-1.566	-4.148	0.000	4.568

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

2.472	0.000	0.537	0.000	0.000	0.790	0.000	0.296	0.000
2.431	0.164	0.000	0.603	0.760	0.000	0.178	0.000	0.039
1.118	0.469	0.000	-0.479	0.152	0.000	0.624	0.000	-0.372
0.891	0.000	0.574	0.000	0.000	-0.599	0.000	0.558	0.000
0.465	0.433	0.000	-0.459	0.396	0.000	-0.599	0.000	0.294
0.428	0.542	0.000	0.240	-0.401	0.000	0.261	0.000	0.648
0.104	0.000	0.618	0.000	0.000	-0.130	0.000	-0.775	0.000
0.091	0.522	0.000	0.373	-0.287	0.000	-0.390	0.000	-0.595

Unbalanciertes Design:

 $X'X^{-1} =$ 

3.322	0.074	-0.054	0.439	-0.043	0.013	-3.171	-0.044
0.074	1.558	-0.633	-0.040	-0.073	0.743	-0.109	-1.007
-0.054	-0.633	7.032	-0.072	-4.369	-6.615	0.048	4.359
0.439	-0.040	-0.072	5.790	0.056	0.055	-5.623	-0.031
-0.043	-0.073	-4.369	0.056	4.315	4.172	0.038	-3.411
0.013	0.743	-6.615	0.055	4.172	8.796	-0.011	-6.215
-3.171	-0.109	0.048	-5.623	0.038	-0.011	8.758	0.052
-0.044	-1.007	4.359	-0.031	-3.411	-6.215	0.052	6.053

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

3.229	0.121	0.543	-0.040	-0.035	-0.079	0.783	0.260	0.004
2.630	0.369	-0.043	0.696	0.447	0.413	0.067	0.005	0.061
0.758	0.465	-0.100	-0.147	-0.520	0.458	0.015	0.004	-0.522
0.620	0.118	0.564	-0.006	0.011	0.039	-0.592	0.562	0.010
0.372	0.431	-0.095	0.374	-0.519	-0.509	-0.055	-0.009	0.366
0.273	0.455	-0.111	-0.564	0.187	0.239	0.010	-0.010	0.609
0.072	0.122	0.585	-0.012	0.003	0.007	-0.164	-0.785	-0.009
0.046	0.460	-0.107	-0.188	0.474	-0.545	-0.039	0.005	-0.468

**Tab. A8: Fortsetzung.** *Table A8: continued*

Parameter: gi, hi, ri, gm, hm, rm, gmm

## balanciertes Design

$$X'X^{-1} =$$

2.305	0.000	0.000	0.697	0.000	0.000	-2.292
0.000	1.034	0.166	0.000	-0.150	-0.178	0.000
0.000	0.166	2.076	0.000	-1.127	-0.745	0.000
0.697	0.000	0.000	3.902	0.000	0.000	-3.844
0.000	-0.150	-1.127	0.000	1.692	0.125	0.000
0.000	-0.178	-0.745	0.000	0.125	1.357	0.000
-2.292	0.000	0.000	-3.844	0.000	0.000	5.969

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

2.431	0.537	0.000	0.000	0.000	0.790	0.000	0.296
1.959	0.000	0.133	0.966	0.189	0.000	-0.119	0.000
1.003	0.000	0.636	-0.191	0.058	0.000	-0.746	0.000
0.734	0.574	0.000	0.000	0.000	-0.599	0.000	0.558
0.465	0.000	0.570	-0.123	0.585	0.000	0.564	0.000
0.304	0.000	0.503	0.126	-0.787	0.000	0.335	0.000
0.104	0.618	0.000	0.000	0.000	-0.130	0.000	-0.775

## Unbalanciertes Design:

$$X'X^{-1} =$$

3.322	0.067	-0.022	0.439	-0.068	-0.032	-3.171
0.067	1.390	0.093	-0.045	-0.641	-0.292	-0.100
-0.022	0.093	3.893	-0.050	-1.913	-2.140	0.010
0.439	-0.045	-0.050	5.790	0.038	0.023	-5.623
-0.068	-0.641	-1.913	0.038	2.393	0.670	0.067
-0.032	-0.292	-2.140	0.023	0.670	2.415	0.043
-3.171	-0.100	0.010	-5.623	0.067	0.043	8.757

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

2.742	0.454	-0.322	-0.043	-0.050	0.786	-0.017	0.260
2.492	0.271	0.318	0.733	0.525	0.043	-0.099	0.006
0.745	0.329	0.464	-0.295	-0.176	-0.043	-0.746	-0.003
0.520	0.465	-0.340	-0.003	0.017	-0.593	0.023	0.562
0.274	0.294	0.419	0.261	-0.684	-0.017	0.449	-0.004
0.155	0.277	0.406	-0.553	0.472	0.017	0.480	-0.002
0.072	0.482	-0.353	-0.010	0.002	-0.164	0.009	-0.785

**Tab. A8: Fortsetzung.** *Table A8: continued*

Parameter: gi, hi, ri, gm, hm, rm

## Balanciertes Design:

$$X'X^{-1} =$$

1.425	0.000	0.000	-0.779	0.000	0.000
0.000	1.034	0.166	0.000	-0.150	-0.178
0.000	0.166	2.076	0.000	-1.127	-0.745
-0.779	0.000	0.000	1.425	0.000	0.000

**A21**

0.000	-0.150	-1.127	0.000	1.692	0.125
0.000	-0.178	-0.745	0.000	0.125	1.357

Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor $P$ =					
1.959	0.000	0.707	0.000	0.000	0.707	0.000
1.546	0.133	0.000	0.966	0.189	0.000	-0.119
1.003	0.636	0.000	-0.191	0.058	0.000	-0.746
0.734	0.000	0.707	0.000	0.000	-0.707	0.000
0.454	0.570	0.000	-0.123	0.585	0.000	0.564
0.304	0.503	0.000	0.126	-0.787	0.000	0.335

Unbalanciertes Design:

$X'X^{-1} =$					
2.174	0.031	-0.019	-1.597	-0.043	-0.017
0.031	1.389	0.093	-0.110	-0.640	-0.291
-0.019	0.093	3.893	-0.044	-1.913	-2.140
-1.597	-0.110	-0.044	2.180	0.082	0.051
-0.043	-0.640	-1.913	0.082	2.392	0.670
-0.017	-0.291	-2.140	0.051	0.670	2.415

Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor $P$ =					
2.590	0.086	0.700	-0.052	-0.048	0.705	-0.015
1.725	0.419	-0.004	0.733	0.525	0.041	-0.099
0.745	0.563	-0.076	-0.295	-0.176	-0.044	-0.746
0.520	0.079	0.702	-0.011	0.018	-0.706	0.030
0.265	0.507	-0.068	0.261	-0.684	-0.013	0.449
0.155	0.486	-0.077	-0.552	0.472	0.019	0.480

**Tab. A8: Fortsetzung.** *Table A8: continued*

Parameter: gi, hi, ri, gm, hm

Balanciertes Design:

$X'X^{-1} =$				
1.425	0.000	0.000	-0.779	0.000
0.000	1.011	0.068	0.000	-0.134
0.000	0.068	1.667	0.000	-1.058
-0.779	0.000	0.000	1.425	0.000
0.000	-0.134	-1.058	0.000	1.680

Eigenwert $\Lambda$ =	Eigenvektor $P$ =				
1.640	0.000	0.707	0.000	0.707	0.000
1.546	0.116	0.000	0.990	0.000	0.082
0.996	0.699	0.000	-0.140	0.000	0.701
0.454	0.000	0.707	0.000	-0.707	0.000
0.364	0.706	0.000	-0.024	0.000	-0.708

Unbalanciertes Design:

$$X'X^{-1} =$$

2.174	0.029	-0.033	-1.596	-0.039
0.029	1.354	-0.165	-0.103	-0.559
-0.033	-0.165	1.997	0.001	-1.319
-1.596	-0.103	0.001	2.179	0.068
-0.039	-0.559	-1.319	0.068	2.207

Eigenwert  $\Lambda =$ Eigenvektor  $P=$ 

2.114	0.184	0.682	-0.063	-0.126	0.694
1.710	0.501	-0.098	0.847	0.136	0.064
0.624	0.574	-0.162	-0.468	0.647	0.082
0.289	0.179	0.684	0.009	0.108	-0.699
0.264	0.595	-0.178	-0.244	-0.732	-0.138

**Tab. A9a: Ergebnisse aus der Varianzanalyse: Reproduktionsmerkmale. Table A9a: ANOVA results: Reproduction traits**

Merkmal	Wurf- nr.	n	$\bar{x}$	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit		R <sup>2</sup>
				p		
				ZG	JS	
Wurfgröße bei der Geburt (gesamt)	1	1473	2.79	0.0004	0.0001	23.25
	2	1371	2.82	0.0467	0.0001	9.13
Wurfgröße bei der Geburt (lebend)	1	1459	2.71	0.0008	0.0001	20.22
	2	1357	2.77	0.0639	0.0001	9.01
Wurfgröße beim Absetzen (14 Tage post partum)	1	1407	2.57	0.0042	0.0001	15.45
	2	1315	2.61	0.0545	0.0010	8.28
Wurfgröße 84 Tage post partum	1	1371	2.47	0.0112	0.0001	14.82
	2	1253	2.49	0.0821	0.0129	6.78
Wurfgewicht bei der Geburt	1	1459	299.2	0.0001	0.0001	23.52
	2	1357	298.0	0.0001	0.0002	19.21
Wurfgewicht beim Absetzen	1	1401	494.0	0.0001	0.0001	12.16
	2	1313	511.2	0.0001	0.0001	23.19
Wurfgewicht 84 Tage post partum	1	1358	1413.0	0.0001	0.0001	15.19
	2	1243	1444.2	0.0001	0.0001	14.48
Erstlingswurfintervall	-	1424	75.4	0.0001	0.0032	6.80
Zwischenwurfzeit	-	1321	71.2	0.0003	0.0009	5.95
Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr		1328	2.46	0.0001	0.0191	5.22

**Tab. A9b: Ergebnisse aus der Varianzanalyse: Reproduktionsmerkmale – Kreuzungsparameter. Table A9b: ANOVA results: Reproduction traits – crossbreeding parameters**

Merkmal	Wurf-nr.	gen. Mo-dell	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p						R <sup>2</sup>
			g <sub>nk</sub>	h <sub>nk</sub> /d <sub>nk</sub>	r <sub>nk</sub> /aa <sub>nk</sub> /dd <sub>nk</sub>	g <sub>i</sub>	h <sub>i</sub> /d <sub>i</sub>	JS	
Wurfgröße bei der Geburt (gesamt)	1	D	0.6015	0.0021	0.3041	0.8216	0.1055	0.0001	22.25
		JAaa	0.6015	0.0059	0.3041	0.8216	0.1055	0.0001	22.25
		JAdd	0.5941	0.0128	0.2286	0.8249	0.2068	0.0001	22.27
	2	D	0.0063	0.0518	0.0848	0.2373	0.2142	0.0001	8.70
		JAaa	0.0063	0.0153	0.0848	0.2373	0.2142	0.0001	8.70
		JAdd	0.0064	0.0556	0.1777	0.2383	0.2678	0.0001	8.62
Wurfgröße bei der Geburt (lebend)	1	D	0.3513	0.0013	0.4838	0.7890	0.1402	0.0001	19.24
		JAaa	0.3513	0.0111	0.4838	0.7890	0.1402	0.0001	19.24
		JAdd	0.3469	0.0274	0.3960	0.7912	0.2350	0.0001	19.25
	2	D	0.0052	0.1223	0.1301	0.3108	0.4051	0.0001	8.55
		JAaa	0.0052	0.0400	0.1301	0.3108	0.4051	0.0001	8.55
		JAdd	0.0053	0.1021	0.2333	0.3124	0.4610	0.0001	8.49

D: Dickerson-Modell (g<sub>nk</sub>, h<sub>nk</sub>, r<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, h<sub>i</sub>); JAaa: Jakubec-Modell (g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, aa<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>); JAdd: Jakubec-Modell (g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, dd<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>)

**Tab. A9b: Fortsetzung. Table A9b: continued**

Merkmal	Wurf-nr.	gen. Mo-dell	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p						R <sup>2</sup>
			g <sub>nk</sub>	h <sub>nk</sub> /d <sub>nk</sub>	r <sub>nk</sub> /aa <sub>nk</sub> /dd <sub>nk</sub>	g <sub>i</sub>	h <sub>i</sub> /d <sub>i</sub>	JS	
Wurfgröße beim Absetzen	1	D	0.3269	0.0055	0.7088	0.5823	0.2105	0.0001	14.53
		JAaa	0.3269	0.0479	0.7088	0.5823	0.2105	0.0001	14.53
		JAdd	0.3244	0.1021	0.6491	0.5819	0.2871	0.0001	14.53
	2	D	0.0023	0.1006	0.2138	0.2513	0.8618	0.0001	7.84
		JAaa	0.0023	0.0634	0.2138	0.2513	0.8618	0.0001	7.84
		Jadd	0.0023	0.1433	0.3283	0.2529	0.8950	0.0001	7.80
Wurfgröße 84 Tage post partum	1	D	0.4452	0.0039	0.4772	0.3292	0.0669	0.0001	14.14
		JAaa	0.4452	0.2904	0.4772	0.3292	0.0669	0.0001	14.14
		JAdd	0.4485	0.6062	0.4524	0.3292	0.0698	0.0001	14.14
	2	D	0.0007	0.9767	0.0691	0.1643	0.7449	0.0001	6.52
		JAaa	0.0007	0.1007	0.0691	0.1643	0.7449	0.0001	6.52
		Jadd	0.0008	0.0807	0.0671	0.1671	0.6049	0.0001	6.52
Wurfgewicht bei der Geburt	1	D	0.0002	0.0001	0.7310	0.0001	0.1942	0.0001	22.27
		JAaa	0.0002	0.0123	0.7310	0.0001	0.1942	0.0001	22.27
		JAdd	0.0002	0.0776	0.7667	0.0001	0.2240	0.0001	22.27
	2	D	0.2587	0.0016	0.8831	0.0001	0.9811	0.0001	18.88
		JAaa	0.2587	0.1175	0.8831	0.0001	0.9811	0.0001	18.88
		Jadd	0.2585	0.3776	0.8720	0.0001	0.8372	0.0001	18.88
Wurfgewicht beim Absetzen	1	D	0.0056	0.0218	0.8388	0.0347	0.1686	0.0001	11.06
		JAaa	0.0056	0.1238	0.8388	0.0347	0.1686	0.0001	11.06
		JAdd	0.0053	0.4907	0.7283	0.0340	0.1096	0.0001	11.07
	2	D	0.0832	0.0058	0.5481	0.0001	0.3451	0.0001	22.52
		JAaa	0.0832	0.0734	0.5481	0.0001	0.3451	0.0001	22.52
		Jadd	0.0831	0.3202	0.9250	0.0001	0.2556	0.0001	22.49
Wurfgewicht 84 Tage post partum	1	D	0.0001	0.0044	0.1278	0.4116	0.0582	0.0001	14.71
		JAaa	0.0001	0.7657	0.1278	0.4116	0.0582	0.0001	14.71
		JAdd	0.0001	0.6730	0.0876	0.4109	0.0395	0.0001	14.75
	2	D	0.0011	0.0474	0.0828	0.0006	0.4384	0.0001	13.80
		JAaa	0.0011	0.5181	0.0828	0.0006	0.4384	0.0001	13.80
		Jadd	0.0011	0.2759	0.0660	0.0007	0.3248	0.0001	13.83
Erstlingswurf-intervall	-	D	0.0001	0.0019	0.4711	0.5076	0.8270	0.0001	5.76
		JAaa	0.0001	0.0439	0.4711	0.5076	0.8270	0.0001	5.76
		JAdd	0.0001	0.1210	0.5622	0.5082	0.8285	0.0001	5.75
Zwischenwurfzeit	-	D	0.0307	0.6808	0.5615	0.0364	0.4013	0.0001	5.65
		JAaa	0.0307	0.7432	0.5615	0.0364	0.4013	0.0001	5.65
		JAdd	0.0311	0.5577	0.4467	0.0356	0.3368	0.0001	5.67
Anzahl Würfe pro Muttertier und Halbjahr		D	0.0134	0.1793	0.1473	0.0083	0.3881	0.5821	3.96
		JAaa	0.0134	0.5378	0.1473	0.0083	0.3881	0.5821	3.96
		JAdd	0.0130	0.1856	0.0540	0.0084	0.1957	0.5611	4.08

D: Dickerson-Modell (g<sub>nk</sub>, h<sub>nk</sub>, r<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, h<sub>i</sub>); JAaa: Jakubec-Modell (g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, aa<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>); JAdd: Jakubec-Modell (g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, dd<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>)

**Tab. A10a: Ergebnisse aus der Varianzanalyse: Muttergewichte und Gesamtleistungs-Merkmale. Table A10a ANOVA results: Dam weight and productivity traits**

Merkmal	Bezug	n	$\bar{x}$	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p		R <sup>2</sup>
				ZG	JS	
Muttergewicht		1477	836.8	0.0001	0.0001	68.46
Metabol. Muttergewicht		1477	871.0	0.0001	0.0001	68.65
Anzahl Nachkommen bei der Geburt (gesamt)	M.u.H.	1479	6.51	0.0001	0.0029	6.97
	m.MG.u.H. <sup>2</sup>	1479	7.70	0.0001	0.0488	25.36
Anzahl Nachkommen bei der Geburt (lebend)	M.u.H.	1475	6.32	0.0001	0.0064	6.28
	m.MG.u.H.	1475	7.48	0.0001	0.1172	23.78
Anzahl Nachkommen beim Absetzen (14 Tage post partum)	M.u.H.	1447	5.88	0.0001	0.0001	8.11
	m.MG.u.H.	1447	6.95	0.0001	0.0001	25.13
Anzahl Nachkommen 84 Tage post partum	M.u.H.	1379	5.58	0.0001	0.0001	7.81
	m.MG.u.H.	1379	6.65	0.0001	0.0014	24.81
Gesamtnachkommen-gewicht bei der Geburt	M.u.H.	1475	686.0	0.0006	0.0001	10.08
	m.MG.u.H.	1475	796.7	0.0001	0.0055	11.88
Gesamtnachkommen-gewicht beim Absetzen	M.u.H.	1438	1127.7	0.0387	0.0001	12.05
	m.MG.u.H.	1438	1314.1	0.0001	0.0001	18.83
Gesamtnachkommen-gewicht 84 Tage post partum	M.u.H.	1358	3201.1	0.0012	0.0001	7.21
	m.MG.u.H.	1358	3748.8	0.0001	0.0003	13.82

<sup>1</sup>) pro Muttertier und Halbjahr

<sup>2</sup>) pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr

**Tab. A10b: Ergebnisse aus der Varianzanalyse: Muttergewichte und Gesamtleistungs-merkmale – Kreuzungsparameter. Table A10b: ANOVA results: Dam weight and productivity traits – crossbreeding parameters**

Merkmal	Bezug	gen. Mo-dell	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p						R <sup>2</sup>
			g <sub>i</sub>	h <sub>i</sub> /d <sub>i</sub>	r <sub>i</sub> /aa <sub>i</sub> /dd <sub>i</sub>	g <sub>m</sub>	h <sub>m</sub> /d <sub>m</sub>	JS	
Muttergewicht		D	0.0001	0.0516	0.3104	0.2771	0.0057	0.0001	68.33
		JAaa	0.0001	0.8587	0.3104	0.2771	0.0057	0.0001	68.33
		JAdd	0.0001	0.6292	0.3137	0.2773	0.0073	0.0001	68.33
Metabol. Muttergewicht		D	0.0001	0.0186	0.2162	0.2816	0.0067	0.0001	68.51
		JAaa	0.0001	0.8222	0.2162	0.2816	0.0067	0.0001	68.51
		JAdd	0.0001	0.5508	0.2182	0.2819	0.0074	0.0001	68.51

D: Dickerson-Modell (g<sub>i</sub>, h<sub>i</sub>, r<sub>i</sub>, g<sub>m</sub>, h<sub>m</sub> bzw. g<sub>nk</sub>, h<sub>nk</sub>, r<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, h<sub>i</sub>); JAaa: Jakubec-Modell (g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>, aa<sub>i</sub>, g<sub>m</sub>, d<sub>m</sub> bzw. g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, aa<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>); JAdd: Jakubec-Modell (g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>, dd<sub>i</sub>, g<sub>m</sub>, d<sub>m</sub> bzw. g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, dd<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>)

<sup>1</sup>) pro Muttertier und Halbjahr; <sup>2</sup>) pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr

**Tab. A10b: Fortsetzung.** *Table A10b: continued*

Merkmal	Bezug	gen. Mo- dell	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p						R <sup>2</sup>
			g <sub>nk</sub>	h <sub>nk</sub> /d <sub>nk</sub>	r <sub>nk</sub> /aa <sub>nk</sub> /dd <sub>nk</sub>	g <sub>i</sub>	h <sub>i</sub> /d <sub>i</sub>	JS	
Anzahl Nachkommen bei der Geburt (gesamt)	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.0024	0.0482	0.0318	0.1204	0.6838	0.0008	6.30
		JAaa	0.0024	0.0017	0.0318	0.1204	0.6838	0.0008	6.30
		JAdd	0.0024	0.0038	0.0382	0.1202	0.5511	0.0011	6.28
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.0200	0.2024	0.1097	0.0001	0.0667	0.0029	24.77
		JAaa	0.0200	0.0263	0.1097	0.0001	0.0667	0.0029	24.77
		JAdd	0.0199	0.0396	0.1267	0.0001	0.0639	0.0041	24.76
Anzahl Nachkommen bei der Geburt (lebend)	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.0020	0.1056	0.1483	0.1232	0.9689	0.0016	5.65
		JAaa	0.0020	0.0224	0.1483	0.1232	0.9689	0.0016	5.65
		JAdd	0.0020	0.0318	0.1403	0.1226	0.8722	0.0020	5.66
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.0191	0.3560	0.4002	0.0001	0.1798	0.0318	23.22
		JAaa	0.0191	0.1866	0.4002	0.0001	0.1798	0.0318	23.22
		JAdd	0.0189	0.2072	0.3799	0.0001	0.1704	0.0401	23.22
Anzahl Nachkommen beim Absetzen (14 Tage post partum)	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.0062	0.3546	0.4034	0.0168	0.7407	0.0001	7.56
		JAaa	0.0062	0.1903	0.4034	0.0168	0.7407	0.0001	7.56
		JAdd	0.0062	0.2575	0.4592	0.0169	0.7911	0.0001	7.55
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.0347	0.7980	0.8578	0.0001	0.3152	0.0001	24.64
		JAaa	0.0347	0.7521	0.8578	0.0001	0.3152	0.0001	24.64
		JAdd	0.0350	0.8441	0.9371	0.0001	0.3721	0.0001	24.64
Anzahl Nachkommen 84 Tage post partum	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.0035	0.5208	0.8299	0.0087	0.7057	0.0006	7.10
		JAaa	0.0035	0.5656	0.8299	0.0087	0.7057	0.0006	7.10
		JAdd	0.0035	0.6295	0.8340	0.0087	0.7422	0.0007	7.10
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.0344	0.9379	0.5994	0.0001	0.3959	0.0004	24.16
		JAaa	0.0344	0.6697	0.5994	0.0001	0.3959	0.0004	24.16
		JAdd	0.0347	0.6290	0.5934	0.0001	0.4703	0.0005	24.16
Gesamtnach- kommengewicht bei der Geburt	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.4743	0.0646	0.7796	0.0008	0.7125	0.0001	9.65
		JAaa	0.4743	0.1735	0.7796	0.0008	0.7125	0.0001	9.65
		JAdd	0.4743	0.2923	0.8041	0.0008	0.7435	0.0001	9.65
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.2023	0.2949	0.9832	0.0001	0.5338	0.0001	11.38
		JAaa	0.2023	0.5420	0.9832	0.0001	0.5338	0.0001	11.38
		JAdd	0.2026	0.6457	0.9984	0.0001	0.5558	0.0001	11.38
Gesamtnach- kommengewicht beim Absetzen	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.2470	0.9500	0.7120	0.4738	0.4027	0.0001	11.05
		JAaa	0.2470	0.7102	0.7120	0.4738	0.4027	0.0001	11.05
		JAdd	0.2371	0.8474	0.7843	0.4680	0.2572	0.0001	11.05
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.0808	0.4825	0.8882	0.0001	0.9056	0.0001	17.78
		JAaa	0.0808	0.5817	0.8882	0.0001	0.9056	0.0001	17.78
		JAdd	0.0765	0.3122	0.4432	0.0001	0.7662	0.0001	17.81
Gesamtnach- kommengewicht 84 Tage post partum	M.u.H <sup>1</sup>	D	0.0001	0.9529	0.8089	0.1446	0.6196	0.0001	6.18
		JAaa	0.0001	0.8005	0.8089	0.1446	0.6196	0.0001	6.18
		JAdd	0.0001	0.8121	0.8281	0.1444	0.6346	0.0001	6.18
	m.MG. u.H <sup>2</sup>	D	0.0001	0.3170	0.3677	0.0001	0.7741	0.0001	12.80
		JAaa	0.0001	0.1594	0.3677	0.0001	0.7741	0.0001	12.80
		JAdd	0.0001	0.1931	0.3725	0.0001	0.8681	0.0001	12.80

D: Dickerson-Modell (g<sub>nk</sub>, h<sub>nk</sub>, r<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, h<sub>i</sub>); JAaa: Jakubec-Modell (g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, a<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>); JAdd: Jakubec-Modell (g<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, d<sub>nk</sub>, g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>); <sup>1)</sup> pro Muttertier und Halbjahr; <sup>2)</sup> pro metabolisches Muttergewicht und Halbjahr



**Tab. A11a: Ergebnisse aus der Varianzanalyse: Schlachtleistungsmerkmale. Table A11a: ANOVA results: Carcass traits**

Merkmal	n	$\bar{x}$	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p				R <sup>2</sup>
			ZG	JS	WNR	WGR	
Ausschlachtungsanteil	437	61.6	0.2365	0.0001	0.7243	0.0875	19.22
Schlachtkörpergewicht kalt	454	347.5	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	53.45
Schlachtkörperlänge	448	26.9	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	50.94
Rückenfettgewicht	455	2.03	0.0001	0.0001	0.0124	0.1618	34.77
Schlachtkörperlänge / Schlachtkörpergewicht	444	7.97	0.0001	0.0001	0.0022	0.0139	44.87
Anteil Rückenfett an Schlachtkörpergewicht kalt	451	0.57	0.0002	0.0001	0.2788	0.7054	22.64

**Tab. A11b: Ergebnisse aus der Varianzanalyse: Schlachtleistungsmerkmale – Kreuzungsparameter. Table A11b: ANOVA results: Carcass traits – crossbreeding parameters**

Merkmal	gen. Modell	F-Test: Irrtumswahrscheinlichkeit p								R <sup>2</sup>
		g <sub>i</sub>	h <sub>i</sub> /d <sub>i</sub>	r <sub>i</sub> /aa <sub>i</sub> /dd <sub>i</sub>	g <sub>m</sub>	h <sub>m</sub> /d <sub>m</sub>	JS	WNR	WGR	
Schlachtkörpergewicht kalt	D	0.0001	0.0821	0.5453	0.6200	0.4430	0.0001	0.0001	0.0006	52.55
	JAaa	0.0001	0.1602	0.5453	0.6200	0.4430	0.0001	0.0001	0.0006	52.55
	JAdd	0.0001	0.2899	0.6143	0.6198	0.4878	0.0001	0.0001	0.0006	51.54
Schlachtkörperlänge	D	0.0001	0.0001	0.1177	0.1173	0.0026	0.0001	0.0001	0.0001	50.06
	JAaa	0.0001	0.0007	0.1177	0.1173	0.0026	0.0001	0.0001	0.0001	50.06
	JAdd	0.0001	0.0031	0.0907	0.1158	0.0028	0.0001	0.0001	0.0001	50.10
Schlachtkörperlänge / Schlachtkörpergewicht	D	0.0001	0.8938	0.5162	0.2556	0.8132	0.0001	0.0017	0.0112	44.16
	JAaa	0.0001	0.4971	0.5162	0.2556	0.8132	0.0001	0.0017	0.0112	44.16
	JAdd	0.0001	0.5495	0.5803	0.2556	0.8034	0.0001	0.0015	0.0117	44.14
Rückenfettgewicht	D	0.0001	0.1914	0.6763	0.5824	0.9784	0.0001	0.0108	0.1707	33.82
	JAaa	0.0001	0.8176	0.6763	0.5824	0.9784	0.0001	0.0108	0.1707	33.82
	JAdd	0.0001	0.8187	0.8590	0.5816	0.9296	0.0001	0.0096	0.1811	33.80
Anteil Rückenfett an Schlachtkörpergewicht kalt	D	0.0001	0.0256	0.5407	0.8201	0.9566	0.0001	0.2351	0.7393	21.92
	JAaa	0.0001	0.6191	0.5407	0.8201	0.8566	0.0001	0.2351	0.7393	21.92
	JAdd	0.0001	0.7392	0.7081	0.8189	0.9794	0.0001	0.2186	0.7554	21.88

D: Dickerson-Modell (g<sub>i</sub>, h<sub>i</sub>, r<sub>i</sub>, g<sub>m</sub>, h<sub>m</sub>); JAaa: Jakubec-Modell (g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>, aa<sub>i</sub>, g<sub>m</sub>, d<sub>m</sub>); JAdd: Jakubec-Modell (g<sub>i</sub>, d<sub>i</sub>, dd<sub>i</sub>, g<sub>m</sub>, d<sub>m</sub>)

**Tab. A12a: Regressionsgleichungen für das Muttergewicht nach Zuchtgruppe und Jahr: Regression des Muttergewichts im 1. Wurf (x) auf das Muttergewicht im 2. Wurf (y).** *Table A12a: Regression equations for dam weight by breeding group and year: Regression of the dam weight in the 1<sup>st</sup> litter (x) on the dam weight in the 2<sup>nd</sup> litter (y)*

Zuchtgruppe	Jahr	Regressionsgleichung
BB	1990	$y = 179.8 + 0.721 x$
	1992	$y = 157.2 + 0.712 x$
	1993	$y = 308.9 + 0.592 x$
PP	1990	$y = 599.3 + 0.428 x$
	1992	$y = 465.3 + 0.567 x$
	1993	$y = 525.1 + 0.637 x$
BP	1990	$y = 201.0 + 0.748 x$
PB	1990	$y = 349.1 + 0.583 x$
Rot1B	1992	$y = 432.1 + 0.443 x$
Rot1P	1992	$y = 434.9 + 0.503 x$
Rot2B	1993	$y = 390.2 + 0.529 x$
Rot2P	1993	$y = 590.4 + 0.371 x$
SYN	1992	$y = 366.8 + 0.556 x$
SYN	1993	$y = 344.8 + 0.632 x$

**Tab. A12b: Regressionsgleichungen für das Muttergewicht nach Zuchtgruppe und Jahr: Regression des Muttergewichts im 2. Wurf (x) auf das Muttergewicht im 1. Wurf (y).** *Table A12b: Regression equations for dam weight by breeding group and year: Regression of the dam weight in the 2<sup>nd</sup> litter (x) on the dam weight in the 1<sup>st</sup> litter (y)*

Zuchtgruppe	Jahr	Regressionsgleichung
BB	1992	$y = 151.2 + 0.802 x$
PP	1992	$y = 433.3 + 0.583 x$
	1993	$y = 514.3 + 0.451 x$
Rot1B	1992	$y = 469.4 + 0.355 x$
Rot1P	1992	$y = 421.9 + 0.519 x$
Rot2B	1993	$y = 300.3 + 0.483 x$
Rot2P	1993	$y = 363.2 + 0.500 x$
SYN	1993	$y = 297.1 + 0.549 x$

**Tab. A13: Vorhergesagte Zuchtgruppenmittelwerte auf der Basis der geschätzten Kreuzungsparameter für das Gesamtnachkommengewicht pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr 56 und 84 Tage post partum [kg/kg<sup>0.75</sup>\*1000] nach dem Jakubec-Modell dd.** *Table A13: Predictes breeding group means on the basis of the estimated crossbreeding parametes for progeny weight per metabolic dam weight 56 and 84 days post partum [kg/kg<sup>0.75</sup>\*1000] by the Jakubec model dd*

Zuchtgruppe	Vorhergesagtes Gesamtnachkommengewicht pro metabolisches Muttergewicht im ersten Produktionshalbjahr			
	56 Tage post partum		84 Tage post partum	
	LSM	S.E.	LSM	S.E.
PPxBB	3708	133	4820	170
F1xBB	3564	99	4372	123
BBxBB	3427	99	4124	122
RotP	3310	77	4254	97
SYN 75B/25P	3252	57	3945	70
PPxF1	3112	84	4003	104
RotBP	3049	63	3815	78
SYN 50B/50P	3031	80	3723	99
F1xF1	3024	79	3710	98
BBxF1	2939	84	3517	104
SYN 25B/75P	2814	53	3602	66
RotB	2788	74	3377	91
PPxPP	2551	107	3439	135
F1xPP	2516	93	3201	115
BBxPP	2488	124	3163	153